

LA-UR-18-25673

Approved for public release; distribution is unlimited.

Title: HIV Sequence Compendium 2018

Author(s): Foley, Brian Thomas
Korber, Bette Tina Marie
Leitner, Thomas Kenneth
Apetrei, Cristian
Hahn, Beatrice
Mizrachi, Ilene
Mullins, James
Rambaut, Andrew
Wolinsky, Steven

Intended for: Report

Issued: 2018-06-27

Disclaimer:

Los Alamos National Laboratory, an affirmative action/equal opportunity employer, is operated by the Los Alamos National Security, LLC for the National Nuclear Security Administration of the U.S. Department of Energy under contract DE-AC52-06NA25396. By approving this article, the publisher recognizes that the U.S. Government retains nonexclusive, royalty-free license to publish or reproduce the published form of this contribution, or to allow others to do so, for U.S. Government purposes. Los Alamos National Laboratory requests that the publisher identify this article as work performed under the auspices of the U.S. Department of Energy. Los Alamos National Laboratory strongly supports academic freedom and a researcher's right to publish; as an institution, however, the Laboratory does not endorse the viewpoint of a publication or guarantee its technical correctness.

HIV Sequence Compendium 2018

Editors

Brian Foley
Los Alamos National Laboratory

Thomas Leitner
Los Alamos National Laboratory

Cristian Apetrei
University of Pittsburgh

Beatrice Hahn
University of Pennsylvania

Ilene Mizrahi
National Center for Biotechnology
Information

James Mullins
University of Washington

Andrew Rambaut
University of Edinburgh

Steven Wolinsky
Northwestern University

Bette Korber
Los Alamos National Laboratory

Contracting Officer's Representative

Anjali Singh
Division of AIDS
National Institute of Allergy and Infectious Diseases

Los Alamos HIV Sequence Database and Analysis Staff

Werner Abfalterer, Elena E. Giori, Will Fischer, Peter Hraber,
Jennifer Macke, James J. Szinger, Kshitij Wagh, Hyejin Yoon

This publication is funded by the Division of AIDS, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, through interagency agreement AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit" with the U.S. Department of Energy.

Published by
Theoretical Biology and Biophysics
Group T-6, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A.

LA-UR-18-xxxxx

<https://www.hiv.lanl.gov/>



HIV Sequence Compendium 2018

Published by

Theoretical Biology and Biophysics

Group T-6, Mail Stop K710

Los Alamos National Laboratory

Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A.

LA-UR-18-xxxxx

Approved for public release; distribution is unlimited.

Los Alamos National Laboratory, an affirmative action/equal opportunity employer, is operated by Los Alamos National Security, LLC, for the National Nuclear Security Administration of the U.S. Department of Energy under contract DE-AC52-06NA25396.

This report was prepared as an account of work sponsored by an agency of the U.S. Government. Neither Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government nor any agency thereof, nor any of their employees make any warranty, express or implied, or assume any legal liability or responsibility for the accuracy, completeness, or usefulness of any information, apparatus, product, or process disclosed, or represent that its use would not infringe privately owned rights. Reference herein to any specific commercial product, process, or service by trade name, trademark, manufacturer, or otherwise does not necessarily constitute or imply its endorsement, recommendation, or favoring by Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof. The views and opinions of authors expressed herein do not necessarily state or reflect those of Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof.

Los Alamos National Laboratory strongly supports academic freedom and a researcher's right to publish; as an institution, however, the Laboratory does not endorse the viewpoint of a publication or guarantee its technical correctness.

This report was prepared as an account of work sponsored by NIH/NIAID/DAIDS under contract number AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit".

Contents

Contents	iii
I Preface	1
I-1 Introduction	1
I-2 Acknowledgements	1
I-3 Citing the compendium or database	1
I-4 About the PDF	1
I-5 Genome maps	2
I-6 HIV/SIV proteins	3
I-7 Landmarks of the genome	4
I-8 Amino acid codes	6
I-9 Nucleic acid codes	6
II HIV-1/SIVcpz Complete Genomes	7
II-1 Introduction	7
II-2 Annotated features	8
II-3 Sequences	11
II-4 Alignments	18
III HIV-2/SIV Complete Genomes	151
III-1 Introduction	151
III-2 Annotated features	152
III-3 Sequences	154
III-4 Alignments	156
IV PLV Complete Genomes	221
IV-1 Introduction	221
IV-2 Sequences	222
IV-3 Alignments	225
V HIV-1/SIVcpz Proteins	307
V-1 Introduction	307
V-2 Annotated features	308
V-3 Sequences	310
V-4 Alignments	318
VI HIV-2/SIV Proteins	369
VI-1 Introduction	369
VI-2 Annotated features	370
VI-3 Sequences	371
VI-4 Alignments	376
VII PLV Proteins	403
VII-1 Introduction	403
VII-2 Sequences	404
VII-3 Alignments	413

I

Preface

I-1 Introduction

This compendium is an annual summary of the data contained in the HIV sequence database. We try to present a judicious selection of the data in such a way that it is of maximum utility to HIV researchers. Each of the alignments attempts to display the genetic variability within the different species, groups and subtypes of the virus.

This compendium contains sequences published before January 1, 2018. Hence, though it is published in 2018 and called the 2018 Compendium, its contents correspond to the 2017 curated alignments on our website.

The number of sequences in the HIV database is still increasing. In total, at the end of 2017, there were 812,586 sequences in the HIV Sequence Database, an increase of 8.5% since the previous year.

The number of near complete genomes (>7000 nucleotides) increased to 8531 by end of 2017. However, as in previous years, the compendium alignments contain only a fraction of these. A more complete version of all alignments is available on our website, <https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/NEWALIGN/align.html>

As always, we are open to complaints and suggestions for improvement. Inquiries and comments regarding the compendium should be addressed to seq-info@lanl.gov.

I-2 Acknowledgements

The HIV Sequence Database and Analysis Project is funded by the Vaccine and Prevention Research Program of the AIDS Division of the National Institute of Allergy and Infectious Diseases (Anjali Singh, Contracting Officer's Representative) through interagency agreement AAI 12007-0000-01000 "HIV/SIV Database and Analysis Unit" with the U.S. Department of Energy.

I-3 Citing the compendium or database

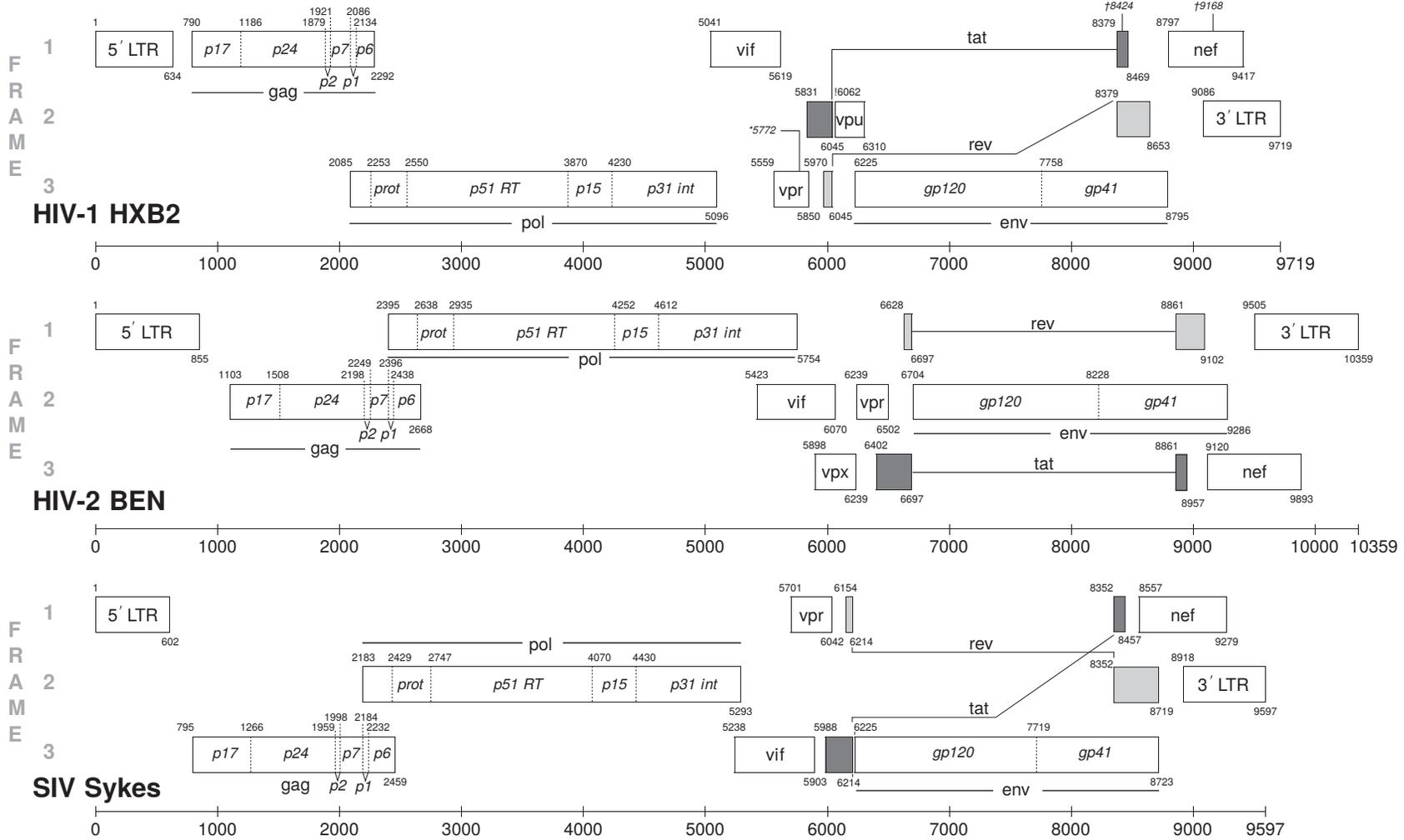
The LANL HIV Sequence Database may be cited in the same manner as this compendium:

HIV Sequence Compendium 2018. Brian Foley, Thomas Leitner, Cristian Apetrei, Beatrice Hahn, Ilene Mizrachi, James Mullins, Andrew Rambaut, Steven Wolinsky, and Bette Korber editors. 2018. Publisher: Los Alamos National Laboratory, Theoretical Biology and Biophysics, Los Alamos, New Mexico. LA-UR-18-xxxxx.

I-4 About the PDF

The complete *HIV Sequence Compendium 2018* is available in Adobe Portable Document Format (PDF) from our website, <https://www.hiv.lanl.gov/>. The PDF version is hypertext enabled and features 'clickable' table-of-contents, indexes, references and links to external web sites. This volume is typeset using L^AT_EX.

I-5 Genome maps



Landmarks of the HIV-1, HIV-2, and SIV genomes. Open reading frames are shown as rectangles. The gene start, indicated by the small number in the upper left corner of each rectangle normally records the position of the **a** in the **atg** start codon for that gene, while the number in the lower right records the last position of the stop codon. For *pol*, the start is taken to be the first **t** in the sequence **tttttag**, which forms part of the stem loop that potentiates ribosomal slippage on the RNA and a resulting -1 frameshift and the translation of the Gag-Pol polyprotein. The *tat* and *rev* spliced exons are shown as shaded rectangles. In HXB2, *5772 marks the position of a frameshift in the *vpr* gene caused by an “extra” **t** relative to most other subtype B viruses; !6062 indicates a defective **acg** start codon in *vpu*; †8424 and †9168 mark premature stop codons in *tat* and *nef*. See Korber *et al.*, Numbering Positions in HIV Relative to HXB2CG, in *Human Retroviruses and AIDS*, 1998, p. 102. Available from <https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/REVIEWS/HXB2.html>

I-6 HIV/SIV proteins

Name	Size	Function	Localization
Gag			
MA	p17	membrane anchoring; env interaction; nuclear transport of viral core (myristylated protein)	virion
CA	p24	core capsid	virion
NC	p7	nucleocapsid, binds RNA	virion
	p6	binds Vpr	virion
Pol			
Protease (PR)	p15	Gag/Pol cleavage and maturation	virion
Reverse Transcriptase (RT)	p66, p51	reverse transcription, RNase H activity	virion
RNase H	p15		virion
Integrase (IN)	p31	DNA provirus integration	virion
Env	gp120/gp41	external viral glycoproteins bind to CD4 and secondary receptors	plasma membrane, virion envelope
Tat	p16/p14	viral transcriptional transactivator	primarily in nucleolus/nucleus
Rev	p19	RNA transport, stability and utilization factor (phosphoprotein)	primarily in nucleolus/nucleus shuttling between nucleolus and cytoplasm
Vif	p23	promotes virion maturation and infectivity	cytoplasm (cytosol, membranes), virion
Vpr	p10-15	promotes nuclear localization of preintegration complex, inhibits cell division, arrests infected cells at G2/M	virion nucleus (nuclear membrane?)
Vpu	p16	promotes extracellular release of viral particles; degrades CD4 in the ER; (phosphoprotein only in HIV-1 and SIVcpz)	integral membrane protein
Nef	p27-p25	CD4 and class I downregulation (myristylated protein)	plasma membrane, cytoplasm, (virion?)
Vpx	p12-16	Vpr homolog present in HIV-2 and some SIVs, absent in HIV-1	virion (nucleus?)
Tev	p28	tripartite tat-env-rev protein (also named Tnv)	primarily in nucleolus/nucleus
Asp	190 aa	antisense protein	

I-7 Landmarks of the genome

HIV genomic structural elements

LTR Long terminal repeat, the DNA sequence flanking the genome of integrated proviruses. It contains important regulatory regions, especially those for transcription initiation and polyadenylation.

TAR Target sequence for viral transactivation, the binding site for Tat protein and for cellular proteins; consists of approximately the first 45 nucleotides of the viral mRNAs in HIV-1 (or the first 100 nucleotides in HIV-2 and SIV.) TAR RNA forms a hairpin stem-loop structure with a side bulge; the bulge is necessary for Tat binding and function.

RRE Rev responsive element, an RNA element encoded within the env region of HIV-1. It consists of approximately 200 nucleotides (positions 7327 to 7530 from the start of transcription in HIV-1, spanning the border of gp120 and gp41). The RRE is necessary for Rev function; it contains a high affinity site for Rev; in all, approximately seven binding sites for Rev exist within the RRE RNA. Other lentiviruses (HIV-2, SIV, visna, CAEV) have similar RRE elements in similar locations within env, while HTLVs have an analogous RNA element (RXRE) serving the same purpose within their LTR; RRE is the binding site for Rev protein, while RXRE is the binding site for Rex protein. RRE (and RXRE) form complex secondary structures, necessary for specific protein binding.

PE Psi elements, a set of 4 stem-loop structures preceding and overlapping the Gag start codon which are the sites recognized by the cysteine histidine box, a conserved motif with the canonical sequence CysX2CysX4HisX4Cys, present in the Gag p7 NC protein. The Psi Elements are present in unspliced genomic transcripts but absent from spliced viral mRNAs.

SLIP A TTTTTT slippery site, followed by a stem-loop structure, is responsible for regulating the -1 ribosomal frameshift out of the Gag reading frame into the Pol reading frame.

CRS Cis-acting repressive sequences postulated to inhibit structural protein expression in the absence of Rev. One such site was mapped within the pol region of HIV-1. The exact function has not been defined; splice sites have been postulated to act as CRS sequences.

INS Inhibitory/Instability RNA sequences found within the structural genes of HIV-1 and of other complex retroviruses. Multiple INS elements exist within the genome and can act independently; one of the best characterized elements spans nucleotides 414 to 631 in the gag region of HIV-1. The INS elements have been defined by functional assays as elements that inhibit expression posttranscriptionally. Mutation of the RNA elements was shown to lead to INS inactivation and up regulation of gene expression.

Genes and gene products

GAG The genomic region encoding the capsid proteins (group specific antigens). The precursor is the p55 myristylated pro-

tein, which is processed to p17 (MA_{matrix}), p24 (CA_{capsid}), p7 (NucleoCapsid), and p6 proteins, by the viral protease. Gag associates with the plasma membrane where the virus assembly takes place. The 55 kDa Gag precursor is called assemblin to indicate its role in viral assembly.

POL The genomic region encoding the viral enzymes protease, reverse transcriptase, RNase, and integrase. These enzymes are produced as a Gag-Pol precursor polyprotein, which is processed by the viral protease; the Gag-Pol precursor is produced by ribosome frameshifting near the 3' end of gag.

ENV Viral glycoproteins produced as a precursor (gp160) which is processed to give a noncovalent complex of the external glycoprotein gp120 and the transmembrane glycoprotein gp41. The mature gp120-gp41 proteins are bound by non-covalent interactions and are associated as a trimer on the cell surface. A substantial amount of gp120 can be found released in the medium. gp120 contains the binding site for the CD4 receptor, and the seven transmembrane domain chemokine receptors that serve as co-receptors for HIV-1.

TAT Transactivator of HIV gene expression. One of two essential viral regulatory factors (Tat and Rev) for HIV gene expression. Two forms are known, Tat-1 exon (minor form) of 72 amino acids and Tat-2 exon (major form) of 86 amino acids. Low levels of both proteins are found in persistently infected cells. Tat has been localized primarily in the nucleolus/nucleus by immunofluorescence. It acts by binding to the TAR RNA element and activating transcription initiation and elongation from the LTR promoter, preventing the 5'LTR AATAAA polyadenylation signal from causing premature termination of transcription and polyadenylation. It is the first eukaryotic transcription factor known to interact with RNA rather than DNA and may have similarities with prokaryotic anti-termination factors. Extracellular Tat can be found and can be taken up by cells in culture.

REV The second necessary regulatory factor for HIV expression. A 19 kDa phosphoprotein, localized primarily in the nucleolus/nucleus, Rev acts by binding to RRE and promoting the nuclear export, stabilization and utilization of the unspliced viral mRNAs containing RRE. Rev is considered the most functionally conserved regulatory protein of lentiviruses. Rev cycles rapidly between the nucleus and the cytoplasm.

VIF Viral infectivity factor, a basic protein of typically 23 kDa. Promotes the infectivity but not the production of viral particles. In the absence of Vif the produced viral particles are defective, while the cell-to-cell transmission of virus is not affected significantly. Found in almost all lentiviruses, Vif is a cytoplasmic protein, existing in both a soluble cytosolic form and a membrane-associated form. The latter form of Vif is a peripheral membrane protein that is tightly associated with the cytoplasmic side of cellular membranes. In 2003, it was discovered that Vif prevents the action of the cellular APOBEC-3G protein which deaminates DNA:RNA heteroduplexes in the cytoplasm.

VPR Vpr (viral protein R) is a 96-amino acid (14 kDa) protein, which is incorporated into the virion. It interacts with the p6

Gag part of the Pr55 Gag precursor. Vpr detected in the cell is localized to the nucleus. Proposed functions for Vpr include the targeting the nuclear import of preintegration complexes, cell growth arrest, transactivation of cellular genes, and induction of cellular differentiation. In HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL the Vpx gene is apparently the result of a Vpr gene duplication event, possibly by recombination.

VPU Vpu (viral protein U) is unique to HIV-1, SIVcpz (the closest SIV relative of HIV-1), SIV-GSN, SIV-MUS, SIV-MON and SIV-DEN. There is no similar gene in HIV-2, SIV-SMM or other SIVs. Vpu is a 16 kDa (81-amino acid) type I integral membrane protein with at least two different biological functions: (a) degradation of CD4 in the endoplasmic reticulum, and (b) enhancement of virion release from the plasma membrane of HIV-1-infected cells. Env and Vpu are expressed from a bicistronic mRNA. Vpu probably possesses an N-terminal hydrophobic membrane anchor and a hydrophilic moiety. It is phosphorylated by casein kinase II at positions Ser52 and Ser56. Vpu is involved in Env maturation and is not found in the virion. Vpu has been found to increase susceptibility of HIV-1 infected cells to Fas killing.

NEF A multifunctional 27-kDa myristylated protein produced by an ORF located at the 3' end of the primate lentiviruses. Other forms of Nef are known, including nonmyristylated variants. Nef is predominantly cytoplasmic and associated with the plasma membrane via the myristyl residue linked to the conserved second amino acid (Gly). Nef has also been identified in the nucleus and found associated with the cytoskeleton in some experiments. One of the first HIV proteins to be produced in infected cells, it is the most immunogenic of the accessory proteins. The nef genes of HIV and SIV are dispensable *in vitro*, but are essential for efficient viral spread and disease progression *in vivo*. Nef is necessary for the maintenance of high virus loads and for the development of AIDS in macaques, and viruses with defective Nef have been detected in some HIV-1 infected long term survivors. Nef downregulates CD4, the primary viral receptor, and MHC class I molecules, and these functions map to different parts of the protein. Nef interacts with components of host cell signal transduction and clathrin-dependent protein sorting pathways. It increases viral infectivity. Nef contains PXXP motifs that bind to SH3 domains of a subset of Src kinases and are required for the enhanced growth of HIV but not for the downregulation of CD4.

VPX A virion protein of 12 kDa found in HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL and not in HIV-1 or other SIVs. This accessory gene is a homolog of HIV-1 vpr, and viruses with Vpx carry both vpr and vpx. Vpx function in relation to Vpr is not fully elucidated; both are incorporated into virions at levels comparable to Gag proteins through interactions with Gag p6. Vpx is necessary for efficient replication of SIV-SMM in PBMCs. Progression to AIDS and death in SIV-infected animals can occur in the absence of Vpr or Vpx. Double mutant virus lacking both vpr and vpx was at-

tenuated, whereas the single mutants were not, suggesting a redundancy in the function of Vpr and Vpx related to virus pathogenicity.

ASP In 1988, a study by Roger Miller noted the existence of an antisense open reading frame in HIV-1 that encodes an Antisense Protein (ASP) of 190 amino acids. The open reading frame occurs in the env region of the genome, which undergoes strong selection for divergence. Since many mutations that might occur in Env introduce stop codons in alternate reading frames, the high retention of the ASP open reading frame suggests a role for the product. The open reading frame is absent in most SIVcpz and O group sequences, but it is present in the majority of HIV-1 M group sequences.

Structural proteins/viral enzymes The products of *gag*, *pol*, and *env* genes, which are essential components of the retroviral particle.

Regulatory proteins Tat and Rev proteins of HIV/SIV and Tax and Rex proteins of HTLVs. They modulate transcriptional and posttranscriptional steps of virus gene expression and are essential for virus propagation.

Accessory or auxiliary proteins Additional virion and non-virion-associated proteins produced by HIV/SIV retroviruses: Vif, Vpr, Vpu, Vpx, Nef. Although the accessory proteins are in general not necessary for viral propagation in tissue culture, they have been conserved in the different isolates; this conservation and experimental observations suggest that their role *in vivo* is very important. Their functional importance continues to be elucidated.

Complex retroviruses Retroviruses regulating their expression via viral factors and expressing additional proteins (regulatory and accessory) essential for their life cycle.

I-8 Amino acid codes

A	Alanine
B	Aspartic Acid or Asparagine
C	Cysteine
D	Aspartic Acid
E	Glutamic Acid
F	Phenylalanine
G	Glycine
H	Histidine
I	Isoleucine
K	Lysine
L	Leucine
M	Methionine
N	Asparagine
P	Proline
Q	Glutamine
R	Arginine
S	Serine
T	Threonine
V	Valine
W	Tryptophan
X	unknown or “other” amino acid
Y	Tyrosine
Z	Glutamic Acid or Glutamine
.	gap
-	identity
*	stop codon
#	incomplete codon

I-9 Nucleic acid codes

A	Adenine
C	Cytosine
G	Guanine
T	Thymine
U	Uracil
M	A or C
R	A or G
W	A or T
S	C or G
Y	C or T
K	G or T
V	A or C or G
H	A or C or T
D	A or G or T
B	C or G or T
N	unknown
.	gap
-	identity

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Contents

II-1	Introduction	7
II-2	Annotated features	8
II-3	Sequences	11
II-4	Alignments	18

II-1 Introduction

While the “web alignment” this year has grown to 3674 full-length genomes, the compendium alignment herein has strict page limitations. Sequences for each subtype were selected to maximize geographic and phylogenetic diversity, with up to 10 sequences chosen for each pure subtype, CRF01, and CRF02. When possible, recent sequences were prioritized over older sequences. For all other CRFs, only the reference sequence was included. Representatives were included from groups N, O, and P, and also from the HIV-1-related primate lentiviruses CPZ and GOR. No unique recombinants were included.

The HXB2 sequence (accession K03455) is the master sequence in this alignment. This is also the genome coordinate standard used throughout the HIV Database. The alignment was generated by MAFFT v7.397 (E-INS-i with gap open penalty 2.0) accessed at <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>. The alignment was subsequently codon-aligned using GeneCutter, followed by a few manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. In the downloadable version of this alignment, gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

Also part of this nucleotide alignment is a translation to protein sequence based on the HXB2 sequence; the HIV genome has many overlapping coding regions, and all are shown. For more complete annotation of functional domains, see the protein sequence alignments in Chapter V.

II-2 Annotated features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	18
TCF-1 alpha	315-329	20
NF- κ -B-II	350-359	22
NF- κ -B-I	364-373	22
Sp1-III	375-386	22
Sp1-II	388-397	22
Sp1-I	398-408	22
TATA Box	427-431	24
TAR element start	453	24
5' LTR U3 end	455	24
+1 mRNA start site	456	24
5' LTR R repeat begin	456	24
TAR element end	513	24
Poly-A signal	527-532	24
5' LTR R repeat end	551	24
5' LTR U5 start	552	24
Extensive secondary structure	568-605	24
5' LTR U5 end	633	26
Lys tRNA primer binding site	634-653	26
Packaging loops begin	681	26
Packaging loops end	789	28
Gag and Gag-Pol start	790	28
Gag p17 Matrix end	1185	34
Gag p24 Capsid start	1186	34
Gag p24 Capsid end	1881	42
Gag p2 start	1882	42
Gag p2 end	1920	44
Gag-Pol fusion TF protein start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid start	1921	44
Gag p7 nucleocapsid end	2085	46
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2085	46
Pol start	2085	46
Gag p1 start	2086	46
Gag p1 end	2133	46
Gag p6 start	2134	46
Gag-Pol TF end	2252	50
Pol protease start	2253	50
Gag p6 end	2292	50
Gag end	2292	50
Pol Protease end	2549	52
Pol p66 and p51 RT start	2550	52
p51 end and p66 RT continue	3869	68
Pol p15 RNase H start	3870	68
Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end	4229	72
Pol p31 Integrase start	4230	72
Vif start	5041	82
Pol, Gag-Pol, and p31 integrase end	5096	82
Vpr start	5559	88

Feature	Location	Page
Vif end	5619	90
frameshift insert in HXB2	5772	92
Vpr premature end (HXB2 only)	5795	92
Tat exon 1 start	5831	92
Vpr end	5850	92
Rev exon 1 start	5970	94
Tat Rev exon 1 end	6045	96
intron start	6046	96
Vpu start (ACG in HXB2)	6062	96
Vpu transmembrane domain start	6062	96
Vpu transmembrane domain end	6143	96
Env start	6225	98
Vpu end	6310	100
Env signal peptide end	6314	100
Env gp120 start	6315	100
V1 loop start	6615	104
V1 loop end	6692	104
V2 loop start	6696	104
V2 loop end	6812	106
V3 loop start	7110	110
V3 loop end	7217	112
Antisense Protein end	7373	114
V4 loop start	7377	114
V4 loop end	7478	116
V5 start	7602	118
V5 end	7634	118
Rev Responsive Element (RRE) region	7710	120
Env gp120 end	7757	120
Env gp41 start	7758	120
Antisense Protein start	7942	122
RRE end	8061	124
Env gp41 transmembrane domain	8277-8336	128
Tat Rev intron end	8378	128
Tat Rev exon 2 start	8379	128
Tat premature stop in HXB2	8424	128
Tat end	8469	130
Rev end (TAA) in some lineages	8605	132
Rev end	8653	132
Env gp41, gp160 end	8795	134
Nef start	8797	134
3' LTR U3 start	9086	138
Nef premature end in HXB2	9168	140
TCF-1 alpha binding	9400-9414	142
Nef end	9417	144
NF- κ -B-II	9435-9444	144
NF- κ -B-I	9449-9458	144
Sp1-III	9462-9471	144
Sp1-II	9473-9482	146
Sp1-I	9483-9493	146
TATA box	9512-9516	146
TAR element start	9538	146
3' LTR U3 end	9540	146
3' LTR repeat start	9541	146

Feature	Location	Page
TAR element end	9599	146
Poly-A signal	9612-9617	148
3' LTR R repeat end	9636	148
3' LTR U5 start	9637	148
3' LTR U5 end	9719	148

II-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
A1.CD.02.LA01AIPr	KU168256	D.R.C.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
A1.CM.08.886_24	KP718928	Cameroon	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)
A1.ES.15.100_117	KY496622	Spain	Cuevas, M.T.	Unpublished
A1.KE.11.DEMA111KE002	KF716474	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.PK.15.PK034	KX232624	Pakistan	Chen, Y.	<i>PLoS ONE</i> 11 (12):E0167839 (2016)
A1.RW.11.DEMA111RW002	KF716472	Rwanda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.SE.13.078SE	MF373181	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
A1.UG.11.DEMA110UG009	KF716486	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A2.CM.01.01CM_1445MV	GU201516	Cameroon	Carr, J.K.	<i>Retrovirology</i> 2010 Apr 28;7:39 doi: 101186/1742-4690-7-39
A3.SN.01.DDI579	AY521629	Senegal	Meloni, S.T.	<i>J Virol</i> 78 (22):12438-12445 (2004)
A4.CD.97.97CD_KCC2	AM000053	D.R.C.	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 22 (2):182-187 (2006)
A6.BY.13.PV85	KT983615	Belarus	Sasinovich, S.	Unpublished
A6.IT.02.60000	EU861977	Italy	Riva, C.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1319-25 (2008)
A6.RU.11.11RU6950	JX500694	Russia	Baryshev, P.B.	<i>ARHR</i> 30 (6); 592-7 (2014)
A6.UA.12.DEMA112UA024	KU749403	Ukraine	Hora, B.	Unpublished
B.AR.14.DEMB14AR003	KY658685	Argentina	Hora, B.	Unpublished
B.BR.10.10BR_MG035	KJ849804	Brazil	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
B.CU.14.14CU005	KR914676	Cuba	Blanco, M.	Unpublished
B.DE.13.366396	KT124767	Germany	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
B.DE.13.947915	KT124808	Germany	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
B.DO.11.DEMB11DR001	KY658702	Dominican Republic	Hora, B.	Unpublished
B.ES.15.100600	KY989956	Spain	Cuevas, M.T.	Unpublished
B.FR.11.DEMB11FR001	KF716496	France	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.JP.12.DEMB12JP001	KF716498	Japan	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.PH.15.DEMB15PH003	KY658690	Philippines	Hora, B.	Unpublished

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.RU.11.11RU21n	JX500708	Russia	Baryshev, P.B.	Unpublished
B.SE.15.102SE	MF373204	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
B.TH.10.DEMB10TH002	KP109514	Thailand	Hora, B.	Unpublished
B.US.16.2609	KX505536	United States	Bruner, K.M.	<i>Nat Med</i> 22 (9); 1043-9 (2016)
C.BR.11.DEMC11BR035	KU749393	Brazil	Hora, B.	Unpublished
C.CN.10.YNFL19	KC870038	China	Wei, H.	Unpublished
C.DE.10.622166	KT124786	Germany	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
C.ES.15.100_118	KY496624	Spain	Cuevas, M.T.	Unpublished
C.ET.08.ET104	KU319528	Ethiopia	Amogne, W.	<i>ARHR</i> 32 (5); 471-4 (2016)
C.IN.15.NIRT008	KX069226	India	Aralaguppe, S.G.	<i>J Virol Methods</i> 2016 Oct;236:98-104 doi: 101016/j.jviromet201607010 Epub 2016 Jul 19
C.MW.09.703010256_CH256.w96	KC156214	Malawi	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.NG.10.10NG020523	KX389612	Nigeria	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
C.NP.11.11NP016	KU341724	Nepal	Bhusal, N.	<i>Curr HIV Res</i> 14 (6):517-524 (2016)
C.PK.14.DEMC14PK009	KU749412	Pakistan	Hora, B.	Unpublished
C.SE.15.100ET	MF373202	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	KC156220	Tanzania	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	KT982201	United States	Rainwater-Lovett, K.	<i>PLoS ONE</i> 12 (2):E0170548 (2017)
C.ZA.13.DEMC13ZA152	KU749417	S. Africa	Hora, B.	Unpublished
C.ZM.11.DEMC11ZM006	KF716467	Zambia	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/j.jim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.BR.10.10BR_RJ095	KJ787684	Brazil	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00586-14 (2014)
D.CD.03.LA17MuBo	KU168271	D.R.C.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
D.CM.10.DEMD10CM009	JX140670	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/j.jim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CY.06.CY163	FJ388945	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
D.KE.11.DEMD11KE003	KF716476	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/j.jim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.SE.12.077UG	MF373180	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
D.TZ.04.CO6405V4	KX907406	Tanzania	Billings, E.	<i>ARHR</i> 33 (4); 373-381 (2017)
D.UG.10.DEMD10UG004	KF716479	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/j.jim201401004 Epub 2014 Jan 19

Name	Accession	Country	Author	Reference
D.UG.11.DEMD11UG003	KF716480	Uganda	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.YE.02.02YE516	AY795907	Yemen	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
F1.AO.06.AO_06_ANG32	FJ900266	Angola	Guimaraes, M.L.	<i>Retrovirology</i> 6 , 39 (2009)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	Argentina	Aulicino, P.C.	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BR.11.DEMF111BR037	KU749396	Brazil	Hora, B.	Unpublished
F1.CY.08.CY222	JF683771	Cyprus	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
F1.ES.11.VA0053_nfl	KJ883138	Spain	Delgado, E.	<i>PLoS ONE</i> 10 (11):E0143325 (2015)
F1.FR.04.LA22LeRe	KU168276	France	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
F1.RO.03.LA20DuCl	KU168274	Romania	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
F1.RU.08.D88_845	GQ290462	Russia	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F2.CM.10.DEMF210CM007	JX140673	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
F2.CM.11.DEURF11CM026	KU749422	Cameroon	Hora, B.	Unpublished
G.CD.03.LA23LiEd	KU168277	D.R.C.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
G.CM.08.789_10	KP718925	Cameroon	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)
G.CM.10.DEMG10CM008	JX140676	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.CN.08.GX_2084_08	JN106043	China	Liu, W.	<i>Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi</i> 34 (1); 53-6 (2013)
G.CN.16.224GX	KY275364	China	Zhang, M.	Unpublished
G.ES.14.EUR_0033	KU685592	Spain	Cuevas, T.	Unpublished
G.GW.08.LA57LmNe	KU168300	Guinea- Bissau	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
G.KE.09.DEMG09KE001	KF716477	Kenya	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.NG.12.12NG060409	KX389648	Nigeria	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
H.CD.04.LA19KoSa	KU168273	D.R.C.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
H.CF.02.LA25LeMi	KU168279	C.A.R.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
J.CD.03.LA26DiAn	KU168280	D.R.C.	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
J.CM.04.04CMU11421	GU237072	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 26 (6); 693-7 (2010)
K.CD.97.97ZR_EQTB11	AJ249235	D.R.C.	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	Cameroon	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
01_AE.CM.11.1156_26	KP718930	Cameroon	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)

Name	Accession	Country	Author	Reference
01_AE.CN.12.DE00112CN011	KP109508	China	Hora, B.	Unpublished
01_AE.IR.10.10IR.THR48F	AB703616	Iran	Jahanbakhsh, F.	<i>ARHR</i> 29 (1); 198-203 (2013)
01_AE.JP.11.DE00111JP003	KF859741	Japan	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
01_AE.MM.14.fKSDU26	KU820849	Myanmar	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 101080/2150559420161226722
01_AE.PH.15.DE00115PH012	KY658688	Philippines	Hora, B.	Unpublished
01_AE.SE.12.070SE	MF373173	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
01_AE.TH.10.DE00110TH001	KP109513	Thailand	Hora, B.	Unpublished
01_AE.TH.11.40436v09_04	KY580697	Thailand	Kijak, G.H.	<i>PLoS Pathog</i> 13 (7); e1006510 (2017)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)
02_AG.CM.10.DE00210CM013	KF859739	Cameroon	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
02_AG.DE.09.701114	KT124792	Germany	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
02_AG.KR.12.12MHI11_10746	KF561437	S. Korea	Cho, Y.-K.	Unpublished
02_AG.KR.12.12MHR9	KF561435	S. Korea	Cho, Y.-K.	Unpublished
02_AG.LR.x.POC44951	AB485636	Liberia	Baesi, K.	<i>PLoS One</i> 9 (9); e105098 (2014)
02_AG.NG.12.12NG060304	KX389647	Nigeria	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
02_AG.PK.15.PK032	KX232622	Pakistan	Chen, Y.	<i>PLoS ONE</i> 11 (12):E0167839 (2016)
02_AG.SE.14.098GN	MF373200	Sweden	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
02_AG.SN.13.9580	KT223760	Senegal	Aman, S.	Unpublished
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)
04_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	Cyprus	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 14 (16):1495-1500 (1998)
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	China	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	China	Piyasirisilp, S.	<i>J Virol</i> 74 (23):11286-11295 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, F.E.	<i>ARHR</i> 20 (8):819-826 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Kouliniska, I.N.	<i>ARHR</i> 17 (5):423-431 (2001)
11_cpx.CM.95.95CM_1816	AF492624	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
13_cpx.CM.96.96CM_1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
14_BG.ES.05.X1870	FJ670522	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtijul, K.	<i>ARHR</i> 18 (16):1235-1237 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	S. Korea	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
17_BF.AR.99.ARMA038	AY037281	Argentina	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	Cuba	Thomson, M.M.	<i>AIDS</i> 19 (11):1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	Cuba	Casado, G.	<i>JAIDS</i> 40 (5):532-537 (2005)
20_BG.CU.99.Cu103	AY586545	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
21_A2D.KE.99.KER2003	AF457051	Kenya	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
22_01A1.CM.01.01CM_0001BBY	AY371159	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	Cuba	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
24_BG.ES.08.X2456_2	FJ670526	Spain	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
25_cpx.CM.02.1918LE	AY371169	Cameroon	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)

Name	Accession	Country	Author	Reference
26_A5U.CD.02.02CD_MBTB047	FM877782	D.R.C.	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 25 (8):823-832 (2009)
27_cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	AM851091	France	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 24 (2):315-321 (2008)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
29_BF.BR.01.BREPM16704	DQ085876	Brazil	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
31_BC.BR.04.04BR142	AY727527	Brazil	Sanabani, S.	<i>ARHR</i> 22 (2):171-176 (2006)
32_06A6.EE.01.EE0369	AY535660	Estonia	Adojaan, M.	<i>JAIDS</i> 39 (5):598-605 (2005)
33_01B.ID.07.JKT189_C	AB547463	Indonesia	SahBandar, I.N.	<i>ARHR</i> 27 (1): 97-102 (2011)
34_01B.TH.99.OUR1969P	EF165539	Thailand	Tovanabuttra, S.	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.07.169H	GQ477446	Afghanistan	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (8):1008-1019 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	Cameroon	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (7):923-933 (2007)
38_BF1.UY.03.UY03_3389	FJ213783	Uruguay	Ruchansky, D.	<i>ARHR</i> 25 (3): 351-6 (2009)
39_BF.BR.04.04BRRJ179	EU735535	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
40_BF.BR.05.05BRRJ055	EU735537	Brazil	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
41_CD.TZ.05.CO6577V5	KX907411	Tanzania	Billings, E.	<i>ARHR</i> 33 (4): 373-381 (2017)
42_BF.LU.03.luBF_01_03	EU170151	Luxembourg	Struck, D.	<i>ARHR</i> 31 (5): 554-8 (2015)
43_02G.SA.03.J11223	EU697904	Saudi Arabia	Badreddine, S.	<i>ARHR</i> 23 (5):667-674 (2007)
44_BF.CL.00.CH80	FJ358521	Chile	Delgado, E.	<i>ARHR</i> 26 (7): 821-6 (2010)
45_cpx.FR.04.04FR_AUK	EU448295	France	Frangé, P.	<i>Retrovirology</i> 2008 Aug 1;5:69 doi: 101186/1742-4690-5-69
46_BF.BR.07.07BR_FPS625	HM026456	Brazil	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2010 Apr 16;7:74 doi: 101186/1743-422X-7-74
47_BF.ES.08.P1942	GQ372987	Spain	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 26 (7): 827-32 (2010)
48_01B.MY.07.07MYKT021	GQ175883	Malaysia	Li, Y.	<i>JAIDS</i> 54 (2):129-136 (2010)
49_cpx.GM.03.N26677	HQ385479	Gambia	de Silva, T.I.	<i>Retrovirology</i> 7 (1):82 (2010)
50_A1D.GB.10.12792	JN417240	United Kingdom	Foster, G.M.	<i>PLoS One</i> 9 (1); e83337 (2014)
51_01B.SG.11.11SG_HM021	JN029801	Singapore	Ng, O.T.	<i>ARHR</i> 28 (5): 527-30 (2012)
52_01B.MY.03.03MYKL018_1	DQ366664	Malaysia	Tee, K.K.	<i>JAIDS</i> 43 (5):523-529 (2006)
53_01B.MY.11.11FIR164	JX390610	Malaysia	Chow, W.Z.	<i>J Virol</i> 86 (20):11398-11399 (2012)
54_01B.MY.09.09MYSB023	JX390976	Malaysia	Ng, K.T.	<i>J Virol</i> 86 (20):11405-11406 (2012)
55_01B.CN.10.HNCS102056	JX574661	China	Han, X.	<i>Genome Announc</i> 1 (1):E00050-12 (2013)
56_cpx.FR.10.URF5_patient_A	JN882655	France	Leoz, M.	<i>AIDS</i> 25 (11):1371-1377 (2011)
57_BC.CN.09.09YNLX19sg	KC899008	China	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
58_01B.MY.09.09MYPR37	KC522031	Malaysia	Chow, W.Z.	<i>PLoS ONE</i> 9 (1):E85250 (2014)
59_01B.CN.09.09LNA423	JX960635	China	An, M.	<i>J Virol</i> 86 (22); 12402-6 (2012)
60_BC.IT.11.BAV499	KC899079	Italy	Simonetti, F.R.	<i>Infect Genet Evol</i> 2014 Apr;23:176-81 doi: 101016/j.meegid201402007 Epub 2014 Mar 3
61_BC.CN.10.JL100010	KC990124	China	Li, X.	<i>Genome Announc</i> 2013 Jun 27;1(3) pii: e00326-13 doi: 101128/genomeA00326-13
62_BC.CN.10.YNFL13	KC870034	China	Wei, H.	<i>ARHR</i> 30 (4):380-383 (2014)
63_02A.RU.10.10RU6637	JN230353	Russia	Baryshev, P.B.	<i>Arch Virol</i> 157 (12); 2335-41 (2012)
64_BC.CN.09.YNFL31	KC870042	China	Hsi, J.	<i>ARHR</i> 30 (4): 389-93 (2014)
65_cpx.CN.10.YNFL01	KC870027	China	Feng, Y.	<i>ARHR</i> 30 (6): 598-602 (2014)
67_01B.CN.11.ANHUI_HF115	KC183779	China	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
68_01B.CN.11.ANHUI_WH73	KC183782	China	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)

Name	Accession	Country	Author	Reference
69_01B.JP.05.05JPMYC113SP420	LC027100	Japan	Kusagawa, S.	<i>Genome Announc</i> 2015 May 28;3(3) pii: e00196-15 doi: 10.1128/genomeA00196-15
70_BF1.BR.10.10BR_PE004	KJ849758	Brazil	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
71_BF1.BR.10.10BR_PE008	KJ849759	Brazil	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
72_BF1.BR.10.10BR_MG002	KJ671534	Brazil	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00386-14 (2014)
73_BG.DE.01.9196_01	AY882421	Germany	Harris, B.	<i>ARHR</i> 21 (7):654-660 (2005)
74_01B.MY.10.10MYPR268	KR019771	Malaysia	Cheong, H.T.	<i>PLoS ONE</i> 10 (7):E0133883 (2015)
77_cpx.MY.14.14MYNBB090	KX673820	Malaysia	Tee, K.K.	<i>Genome Announc</i> 2017 Jun 29;5(26) pii: e00459-17 doi: 10.1128/genomeA00459-17
78_cpx.CN.13.YNTC19	KU161143	China	Song, Y.	<i>ARHR</i> 2016 Apr 8
79_0107.CN.15.SX15DT013	KY216146	China	Li, Y.	<i>ARHR</i> 2017 May 30 doi: 10.1089/aid20170066
82_cpx.MM.13.mSSDU12	KU820825	Myanmar	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 10.1080/2150559420161226722
83_cpx.MM.13.mSSDU94	KU820847	Myanmar	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 10.1080/2150559420161226722
85_BC.CN.14.14CN_SCYB2	KU992929	China	Su, L.	<i>ARHR</i> 2016 Jun 13
86_BC.CN.13.15YNHS18	KX582249	China	Li, Y.	<i>ARHR</i> 2016 Oct 18
87_cpx.CN.12.DH32	KF250408	China	Wei, H.	<i>Sci Rep</i> 2015 Jul 2;5:11323 doi: 10.1038/srep11323
88_BC.CN.05.05YNRL25sg	KC898979	China	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
90_BF1.BR.11.BRGO6043	KY628221	Brazil	Reis, M.N.d.G.	<i>PLoS ONE</i> 12 (6):E0178578 (2017)
O.CM.96.LA51YBF35	KU168294	Cameroon	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
O.CM.96.LA52YBF39	KU168295	Cameroon	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.x.pCMO2_3	AY618998	Cameroon	Tebit, D.M.	<i>Virology</i> 326 (2):329-339 (2004)
O.ES.01.Read25_HIV_GroupO	KX228804	Spain	Ragupathy, V.	Unpublished
O.FR.06.RBF206	KY112585	France	Mack, K.	<i>J Virol</i> 2017 Feb 28;91(6) pii: e02177-16 doi: 10.1128/JVI02177-16 Print 2017 Mar 15
O.GA.10.10Gab1190	JX245014	Gabon	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7); 1085-90 (2013)
O.GA.11.11Gab6352	JX245015	Gabon	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7); 1085-90 (2013)
O.SN.99.99SE_MP1300	AJ302647	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
O.US.10.LTNP	JN571034	United States	Buckheit, R.W.3.	<i>ARHR</i> 30 (6); 511-513 (2014)
N.CM.15.S4858	KY498771	Cameroon	Rodgers, M.A.	<i>Virology</i> 504 , 141-151 (2017)
N.FR.11.N1_FR_2011	JN572926	France	Delaugerre, C.	<i>Lancet</i> 378 (9806); 1894 (2011)
P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3); 1403-7 (2011)
P.FR.09.RBF168	GU111555	France	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8); 871-2 (2009)
CPZ.TZ.06.TAN5	JN091691	Tanzania	Rudicell, R.S.	<i>J Virol</i> 85 (19); 9918-28 (2011)
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	United States	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2	KP004991	Cameroon	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15	KP004990	Cameroon	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)

5' LTR U3 start

TGGAAGGGCTAATCTCACTCCCAACGAAGACAAAGATATCTCTTGTATCTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAAC . . TACACACACAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAT	168
-----T--T-----A-GAA-----C-G--T-----G--A-----G-----T-----C--A-A-C-----T-----T-----CTGAG	168
B.FR.83.HXB2	0
A1.CD.02.LA01A1Pr	0
A1.CM.08.886_24	0
A1.ES.15.100_117	0
A1.KE.11.DEMA11KE002	0
A1.PK.15.PK034	0
A1.RW.15.DEMA11RW002	0
A1.SE.13.0785E	0
A1.UG.11.DEMA11UG009	0
A2.CM.01.01CM_1445MV	0
A3.SN.01.DDI579	0
A4.CD.97.97CD_KCC2	168
-----T--T-----TGG--GAA-----C-----G--T--G-----G-----T-----T--TC-T-A-A-----T--T-----AGCAG	168
A6.BY.13.PV85	0
A6.IT.02.60000	0
A6.RU.11.11RU6950	170
A6.UA.12.DEMA112UA024	0
-----T-----T--AGGAA-----G-----G--T-----A-----G-----ATA-----A-----C--A-A--G-----A-----C--T--AG	170
B.AR.14.DEMB14AR003	168
B.BR.10.10BR_MG035	168
B.CU.14.14CU005	0
B.DE.13.366396	0
B.DE.13.947915	0
B.DO.11.DEMB11DR001	0
B.ES.15.100E5	87
B.FR.11.DEMB11FR001	0
B.JP.12.DEMB12JP001	0
B.PH.15.DEMB15PH003	168
B.RU.11.11RU21n	0
B.SE.15.1025E	0
B.TH.10.DEMB10TH002	0
B.US.16.2609	0
C.BR.11.DEMC11BR035	0
C.CN.10.YNFL19	0
C.DE.10.622166	0
C.ES.15.100_118	0
C.ET.08.ET104	0
C.IN.15.NIRT008	0
C.MW.09.703010256_CH256.w96	168
-----T--T-----A-GAA--G--C-----T-----G-T-TA-----T--T-----G--A-----G--A-----G-----T-----C--AG-G-AG	168
C.NG.10.10NG020523	0
C.NP.11.11NP016	0
C.PK.14.DEMC14PK009	0
C.SE.15.100ET	0
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	168
-----T--T-----A-GAA--G--C-----T-A--G--T-----T-----G--A-----A-----A-----G-----G-----T--A--G-AG	168
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	0
C.ZA.13.DEMC13ZA152	0
C.ZM.11.DEMC11ZM006	0
D.BR.10.10BR_RJ095	168
D.CD.03.LA17U50	0
D.CM.10.DEMD10CM009	0
D.CY.06.CY163	0
D.KE.11.DEMD11KE003	0
D.SE.12.077UG	0
D.TZ.04.C06405V4	0
D.UG.10.DEMD10UG004	0
D.UG.11.DEMD11UG003	0
D.YE.02.02YE516	0
F1.AO.06.AO_06_ANG32	0
F1.AR.02.ARE933	0
F1.BR.11.DEMF11BR037	0
F1.CY.08.CY22	0
F1.ES.11.VA0053_nfl	0
F1.FR.04.LA22LeRe	60
F1.RO.03.LA200uCl	168
F1.RU.08.D88_845	0
F2.CM.10.DEMF210CM007	0
F2.CM.11.DEURF11CM026	0
G.CD.03.LA23Lied	168
G.CM.08.789_10	0
G.CM.10.DEMG10CM008	0
G.CN.08.GX_2084_08	0
G.CN.16.224GX	0
G.ES.14.EUR_0033	0
G.GS.08.A57LmNe	167
G.KE.09.DEMG09KE001	0
G.NG.12.12NG060409	0
H.CD.04.LA19KoSa	168
H.CF.02.LA25LeM1	0
J.CD.03.LA26DiAn	166
J.CM.04.04CMU11421	0
K.CD.97.97ZR_EQTB11	0
K.CM.96.96CM_MP535	0
01.AE.CM.11.1156_26	0
01.AE.CN.12.DE00112CN011	0
01.AE.IR.10.01R_THR48F	0
01.AE.JP.11.DE00111JP003	0
01.AE.MM.14.fKSDU26	0
01.AE.PH.15.DE00115PH012	0
01.AE.SE.12.0705E	98
01.AE.TH.10.DE00110TH001	0
01.AE.TH.11.40436v09_04	0
01.AE.TH.90.CM240	0
02.AG.CM.10.DE00210CM013	0
02.AG.DE.09.701114	0
02.AG.KR.12.12M111_10746	0
02.AG.KR.12.12MHR9	0
02.AG.LR.x.P0C44951	168
02.AG.NG.12.12NG060304	0
02.AG.NG.x.IBNG	0
02.AG.PK.15.PK032	0
02.AG.SE.14.098GN	0

B. FR. 83. HXB2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. VT1310
96 cpx. AU. 96. BF990
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
17 cpx. CM. 95. 95CM_1816
12 BF. AR. 99. ARNA159
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. Cu103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969F
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03_3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ379
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12702
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 10. UFS_patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX195g
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR_MG002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. SX15DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL_255g
90 BF1. BR. 11. BRG06643
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02 3
0. ES. 01. Read25_HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10Gabl1190
0. GA. 11. 11Gabl6352
0. SN. 99. 99SE_MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. NI_FR_2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US_Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor_BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor_BPID15

```

5' LTR U3 start
TTGGAAGGCTAATTCACCTCCAACGAAGACAGATATCTCTTGATCTGGTACTACACACACAAGGCTACTTCCTCGATTAGCAGAAC. .TACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAT 168
.....
T-----T-----A-GAA-----G-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----CC-----C-----T-----T-----T-----G-----G 168
.....
T-----T-----T-----A-GAA-----G-----T-----G-----G-----TG-----G-----T-----C-----T-----G-----G 168
.....
T-----TGG-----G-A-----A-----C-----C-----T-----G-----TA-----T-----T-----C-G-----A-----T-----A-----GAG-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----CTG-----G 168
.....
T-----TGG-----G-A-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----TA-----T-----T-----C-G-----A-----T-----A-----GAG-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----CA-----G-----G 168
.....
T-----G-----T-----GAA-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----TT-----T-----G-----T-----A-----G-----AG 168
.....
T-----A-----A-----G-----A-----GT-----G-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----TG-----T-----G-----G-----A-----A----- 164
.....
T-----T-----T-----TAAG-----GC-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----CT-----C-----A-----G-----TA-----TT-----GACAGA-----G-----G 168
.....
T-----T-----T-----CTGA-----GC-----G-----G-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----C-----TC-----A-----G-----ATG-----TT-----GTCAGA-----G-----G 168
.....
T-----T-----T-----CTGG-----GC-----G-----G-----T-----AC-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----CT-----TC-----A-----G-----TA-----TT-----GTCAGA-----CTG-----G 168
.....
T-----T-----T-----T-----T-----AG-----GC-----G-----G-----T-----G-----G-----TA-----G-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----A-----CTA-----TT-----GTCAGA-----AG-----G 168
.....
T-----T-----T-----T-----CTGA-----GC-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----CA-----TC-----A-----G-----CTA-----TT-----GTCAGA-----CTG-----G 168
.....
T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----T-----T-----AGAA-----TC-----G-----CTG-----TT-----A-----CTCTGAG-----TAG-----AG 168
.....
T-----T-----T-----TGG-----T-----C-----AAG-----GC-----CC-----T-----A-----CACT-----G-----TA-----T-----TGT-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----ATG-----AGG-----TG-----TT-----T-----G-----T-----CCAG-----A 167
.....
T-----G-----T-----T-----AG-----A-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----AG-----A-----C-----A-----A-----A-----GC-----TT-----T-----C-----TC-----CACAGA-----G-----AG 168
.....

```


B. FR. 83. HXB2
 02 AG. SN. 13. 9580
 03 AB. RU. 97. KAL153_2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. x. V11310
 96 cpx. AU. 96. BF990
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNX_6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
 17 cpx. CM. 95. 95CM_1816
 12 BF. AR. 99. ARNA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA938
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. Cu103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
 23 BG. CU. 03. FB118
 24 BG. ES. 08. X2456_2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_K25
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A6. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189_C
 34 01B. TH. 99. OUR1969F
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03_3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ319
 40 BF. BR. 05. BRJ055
 41 CD. TZ. 05. C06577V5
 42 BF. LU. 03. LuBF_01_03
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 08. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. GM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12702
 51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
 53 01B. MY. 11. 11FIR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cpx. FR. 10. UFS_patient_A
 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
 58 01B. MY. 09. 09MYPR37
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. 1100010
 62 BC. CN. 10. YNFL13
 63 02A. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFL31
 65 cpx. CN. 10. YNFL01
 67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73
 69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
 70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR_MG002
 73 BG. DE. 01. 9196_01
 74 01B. MY. 10. 10MYPR268
 77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
 78 cpx. CN. 13. YNTC19
 79 0107. CN. 15. SX15DT013
 82 cpx. MM. 13. mSSDU12
 83 cpx. MM. 13. mSSDU94
 85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2
 86 BC. CN. 13. 15YNHS18
 87 cpx. CN. 12. DH32
 88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
 90 BF1. BR. 11. BRG06643
 0. CM. 96. LA51YBF35
 0. CM. 96. LA52YBF39
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. CM. x. pCM02_3
 0. ES. 01. Read25_HIV_Group0
 0. FR. 06. RBF296
 0. GA. 10. 10Gabl1190
 0. GA. 11. 11Gabl6352
 0. SN. 99. 99SE_MP1300
 0. US. 10. LTNP
 N. FR. 11. NI_PR_2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. TZ. 06. TAN5
 CPZ. US. 85. US_Marilyn
 GOR. CM. 12. SIVgor_BQID2
 GOR. CM. 13. SIVgor_BPID15

TAGAA...GAAGCCAACAAGGAGAGAACACCGCTGTTACACCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTGACAGCCCGCTAGCATTTTCATCACATGGCCCGAGAGTGCATCCGGAGTACTTCAAG...AACTGCTGA 332
CTT-CT.....A-T-C.....CA-AT-A.....GCA-G-TGAA-A.....A-A.....TC.....AGGAGA-A.....AAA.....TT-A-A-A-G..... 332
A-G-TG.....A-T-C.....CA-AA.....A-TGAA-C.....AC-GATA-A.....G-GC-AAGA-T-A-A.....AAA-A.....GG-AT-AGACTGAGA-C 335
-T-T-G-A-A-C-AC-G-TG-A-A.....A.....G-TAGT-AG-C-CAT-A-A-G-T-AA-CGGG-A-CA-C-AAA-T-A-A-G..... 332
G-TG-A-A-C-C-T-T-A-A.....G-GAA-A-C-AT-A-A-G-T-AA-C-AAGA-TG-A-C-AAA-T-A-A-G..... 332
G-CTG-TT-T.....A-A-AA.....A-G-A-A-A-C-ATA-A-T-A-CAAAGA-T-A-AAA-T-A-A-G..... 332
-A-TTG-A-G-G-T-A-CAA-AA-A-G-A-A-AT-A-A-G-C-AA-A-A-G..... 320
 C---GGACTG-G-CT-C-A-T---GG-T-TC-TC---T-A-CTCATAAT---TT-T-G-TGATC-G-G-A-A-A-CA-C-TC-TCAT-GC-AA-G-TG-A-TT-A-A-CT---CCCAAAAT-CAACTG 338
 C---AGACT-G--T-GT-T---GGG-T-AAC-CC---T-A-CTT-TGCT---CTAT-GA-T-AAC-CG-G-A-C-A-A-CA---T-ATCAT-GCAGCAC--TG-T-T-TGATAACA-C-A-CT---TC-CAAGG---AAAAC 338
 C---GAACT-GA-T-GT-T---GAG-T-AAC-CC-G-T-A-CTT-AAC---CT-T-GG-T-AC-CG---A-AC-GA-A-CA---T-TCA-GCCGCACC-G-T-TATGATAACC-C-A-TCT---C-CAAGG---AAAAC 338
 C---AGACTG-G-----T-T---GGG-T-TC-TC---T-A-CTT-TGAT---CCAT-A---TC-C-AG-A-C-A-CA---T-AGCA-GCA-AA-TG-A-TT-C---T-C-A-ACT---CCCAAAAT-ACAGACT 338
 C---GAACT-GA-T-GT-T-C-GGG-T-AAC-CC-G-T-A-TT-AAC---CT-T-A-T-AC-C-AG-GA-C-GA-A-CA---T-ATCA-GCAGCACC-TG-T-T-TGATAACC-C-A-CT---TCTCAAGG---AAAAC 338
 C---AGACT-GA-T-C-T-T---GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-TGCC---CTCT---T-AAC-TG-G-C-AC-GAT---A---T-ATCT---GCAACACC-TG-T-T-AGATAACT-C-A-CT---C-AAGG---AAAAG 258
T-GGAAATG-GAG-TG-GCAG---AG-T-AGC-C---T-A-CCT-ACTT---GGATTCA-T-ATC-T-G-GA-C-AT---A-----ATCA-G-G-GAAAGA-TG-T-TT-C-AAA-C---ACTG-T-CTAAAG-AA... 335
G...CGG---T---C-A-TAC-C-G---CA-T---A-----A-TGAAC-TG-C---C-ATC-CA-----CTGAA-G-TCGGAGA---GA-TAA-----A-----A-G 320
G...CGG---T---C-A-TAC-C-G---CA-T---A-----A-TGAAC-TG-C---C-ATC-CA-----CTGAA-G-TCGGAGA---GA-TAA-----A-----A-G 332

	TATA Box		+1 mRNA start site TAR element start		TAR element end		Poly-A signal		5' LTR R repeat end		5' LTR U5 start		Extensive secondary structure	
B. FR. 83. HXB2	GCCTCAGATCTCGCATATAAGCAGCTGCTTTTGGCC.TGTAAGTCGG.TCTCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAA...CTAGGAACCACTG.CTT.AAGCCTCAATAA.AGCTTGCTTGAGTGTCTCAA.GTAGTGTGGCCCGTCTG												570	
02 AG.SN.13.9580												0	
03 AB.RU.97.KAL153.2												0	
04 cpx.CY.94.94CY032.3												0	
05 DF.BE.x.VI1310												0	
96 cpx.AU.96.BF990												582	
07 BC.CN.98.98CN009	A-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----AG-----												0	
08 BC.CN.97.97CNX.6F												0	
09 cpx.GH.96.96GH2911												0	
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061												0	
11 cpx.CM.95.95CM.1816												0	
12 BF.AR.99.ARNA159	A-----G-----C-----C-----A-----G-----TA-----G-----												590	
13 cpx.CM.96.96CM.1849												0	
14 BG.ES.05.X1870												0	
15 01B.TH.99.99TH.MU2079												28	
16 A2D.KR.97.97KR084												0	
17 BF.AR.99.ARNA038												15	
18 cpx.CU.99.CU7												0	
19 cpx.CU.99.CU7												0	
20 BG.CU.99.Cu103												26	
21 A2D.KE.99.KER2003												0	
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY												0	
23 BG.CU.03.BB18												0	
24 BG.ES.08.X2456.2												0	
25 cpx.CM.02.1918LE												11	
26 A5U.CD.02.02CD.MBT047	A-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----												570	
27 cpx.FR.05.04CD.FR.K25	A-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----												573	
28 BF.AR.99.BREPM12609												0	
29 BF.BR.01.BREPM16704												0	
31 BC.BR.04.04BR142												27	
32 06A6.EE.01.EE0369	A-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----T-----C-----T-----A-----												202	
33 01B.ID.07.JKT189.C												0	
34 01B.TH.99.BUR1969P												0	
35 AD.AF.07.169H												0	
36 cpx.CM.00.00CMNYU830												0	
37 cpx.CM.00.00CMNYU926												0	
38 BF1.UY.03.UY03.3389												0	
39 BF.BR.04.04BRJ179												47	
40 BF.BR.05.05BRJ025												48	
41 CD.TZ.05.C06577V5												0	
42 BF.LU.03.LuBF.01.03												112	
43 02G.SA.03.J11223												86	
44 BF.CL.08.CH80												11	
45 cpx.FR.04.04FR.AUK	A-----G-----A-----G-----T-----T-----A-----												570	
46 BF.BR.07.07BR.FPS625												26	
47 BF.ES.08.P1942												15	
48 01B.MY.07.07MYKT021												0	
49 cpx.CM.03.N26677												5	
50 A1D.GB.10.12702												0	
51 01B.SG.11.11SG.HM021												0	
52 01B.MY.03.03MYKL018.1												0	
53 01B.MY.11.11FIR164												0	
54 01B.MY.09.09MYSB023												0	
55 01B.CN.10.HNCS102056												0	
56 cpx.FR.11.HNCS.pat1ent.A												0	
57 BC.CN.09.09YNLX19sg												0	
58 01B.MY.09.09MYPR37												0	
59 01B.CN.09.09LNA423												0	
60 BC.IT.11.BAV499G-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----												557	
61 BC.CN.10.110010												18	
62 BC.CN.10.YNFL13												0	
63 02A.RU.10.10RU6637T-----C-----T-----G-----												115	
64 BC.CN.09.YNFL31												0	
65 cpx.CN.10.YNFL01												0	
67 01B.CN.11.ANHUI.HF115												0	
68 01B.CN.11.ANHUI.WH73												0	
69 01B.JP.05.05JPMYC113SP420												0	
70 BF1.BR.10.10BR.PE004												16	
71 BF1.BR.10.10BR.PE008AA-GAT-----A-G-A-----A-T-C-----AGA-TC-----A-ACA-----GA-GG-----ACAC-C-A-----G-----C-----												79	
72 BF1.BR.10.10BR.MG002G-T-----A-G-A-----A-T-C-----AGA-TC-----A-ACA-----GA-GG-----ACAC-C-A-----G-----C-----												76	
73 BG.DE.01.9196.01A-----G-----												80	
74 01B.MY.10.10MYPR268												0	
77 cpx.MY.14.14MYNBB090												0	
78 cpx.CN.13.YNTC19												0	
79 0107.CN.15.SX15DT013												0	
82 cpx.MM.13.mSSDU12												0	
83 cpx.MM.13.mSSDU94												0	
85 BC.CN.14.14CN.SCYB2												0	
86 BC.CN.13.15YNH518												0	
87 cpx.CN.12.DH32												0	
88 BC.CN.05.05YNRL25sg												0	
90 BF1.BR.11.BFG06643	A-----G-----C-----C-----T-----C-----TGG-TAGAG-----G-----C-----C-----A-----CTC-----TAGCT-----G-----CG-----												596	
0.CM.96.LA51YBF35	A-----G-----C-----C-----T-----C-----G-TAGAG-----G-----TA-----C-----C-----CTC-----TGCC-----G-----A-----CG-----TGA-----A-----C-----T-----A-----												605	
0.CM.96.LA52YBF39												32	
0.CM.99.99CMU4122	A-----G-----C-----C-----T-----AA-----GG-TAGAGA-----G-----C-----C-----CTC-----TAGCT-----G-----CG-----GCCTTGA-T-A-AA-----A-----C-----T-----A-----												605	
0.CM.x.pCM02.3												34	
0.ES.01.Read25.HIV_Group0	A-----AG-----C-----T-----C-----TAG-TAGGGA-T-----G-----C-----C-----ATCTC-----TAGCT-----G-----CG-----AGA-----A-----C-----T-----A-----												602	
0.FR.06.RBF296												0	
0.GA.10.10Gab1190												0	
0.GA.11.11Gab6352												0	
0.SN.99.99SE.MP1300	A-----G-----C-----ACC-T-----C-----GG-TAGAGA-----G-----C-----C-----CTC-----TAGCT-----G-----CG-----AGA-----A-----C-----T-----A-----												602	
0.US.10.LTNP	A-----AG-----C-----C-----T-----C-----GG-TAGAGA-----AG-A-----C-----CT-----TCTC-----TAGCT-----G-----CG-----AGA-----A-----C-----T-----A-----												525	
N.CM.15.S485												67	
N.FR.11.NI.PR.2011AG-----C-----G-----G-----T-----G-----T-----CA-----G-----A-----CA-----												0	
P.CM.06.U14788	CA-----CTCAGAG-----CAC-----T-----G-----AC-----TA-----CTT-----AAGCA-----GG-AG-----AG-----A-----C-----T-----A-----												42	
P.FR.09.RBF168	TG-----CGCTGAG-----GC-----TC-----AA-----C-----TG-----CT-----AACTG-----AA-----C-----TAGTGACTGGCT-----GA-----G-----GCA-----C-----GAGAGTG-----AAC-----A-----T-----C-----												597	
CPZ.TZ.06.TAN5	A-----A-----GA-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----GTA-----												576	
CPZ.US.85.US.Marilyn												595	
GOR.CM.12.SIVgor_BP1D2												18	
GOR.CM.13.SIVgor_BP1D5												0	

Table of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2), 5' LTR U5 end sequence, Lys tRNA primer binding site, and Packaging loops begin. Includes sequence numbers and gaps.

B. FR. 83. HXB2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153_2
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
05 DF. BE. x. VI1310
96 cpx. AU. 96. BF990
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX_6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816
12 BF. AR. 99. ARNA159
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR084
17 BF. AR. 99. ARMA938
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. Cu103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456_2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189_C
34 01B. TH. 99. TH1969F
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03_3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12702
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 04. 04FR_pati1ent_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX1959
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. 1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR_PG002
73 BG. DE. 01. 9196_01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. SX15DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BF1. BR. 11. BRG06643
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02_3
0. ES. 01. ReaD23_HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10Gabb1190
0. GA. 11. 11Gabb6352
0. SN. 99. 99SE_MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. NFR_2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US_Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor_BP1D2
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1D15

Table with columns: Extensive secondary structure, 5' LTR U5 end, Lys tRNA primer binding site, Packaging loops begin. Rows contain sequence alignments for various HIV-1 strains, with positions 693-845 indicated on the right.

B.FR.83.HXB2
Gag
A1.CD.02.LA01ALPr
A1.CM.08.886 24
A1.ES.15.180 117
A1.KE.11.DEMA111KE002
A1.PK.15.PK034
A1.RW.11.DEMA111RW002
A1.SE.13.0785E
A1.UG.11.DEMA110UG009
A2.CM.01.01CM.1445MV
A3.SN.01.DDI579
A4.CD.97.97CD.KCC2
A6.BY.13.PV85
A6.IT.02.60000
A6.RU.11.11RU0950
A6.UA.12.DEMA112UA024
B.AR.14.DEMB14AR003
B.BR.10.10BR.MG035
B.CU.14.14CU005
B.DE.13.366396
B.DR.13.947915
B.DO.11.DEMB11DR001
B.ES.15.100600
B.FR.11.DEMB11FR001
B.JP.12.DEMB12JP001
B.PH.15.DEMB15PH003
B.RU.11.11RU21n
B.SE.15.1025E
B.TH.10.DEMB10TH002
B.US.16.2609
C.BR.11.DEMC11BR035
C.CN.10.YNFL19
C.DE.10.622166
C.KE.15.100 118
C.ET.08.ET104
C.IN.15.NIRT008
C.MW.09.703010256.CH256.w96
C.NG.10.10NG020523
C.NP.11.11NP016
C.PK.14.DEMC14PK009
C.SE.15.100ET
C.TZ.08.707010457.CH457.w8
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5
C.ZA.13.DEMC13ZA152
C.ZM.11.DEMC11ZM006
D.BR.10.10BR.RJ095
D.CD.03.LA17MuBo
D.CM.10.DEMD10CM009
D.CY.06.CY163
D.KE.11.DEMD11KE003
D.SE.12.077UG
D.TZ.04.06405v4
D.UG.10.DEMD10UG004
D.UG.11.DEMD11UG003
D.YE.02.02YE516
F1.A0.06.A0.06.ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.11.DEM11BR037
F1.CY.08.CY222
F1.ES.11.VA0053.nfl
F1.FR.04.LA22LeRe
F1.RO.03.LA20DuCl
F1.RU.08.080 845
F2.CM.10.DEMF210CM007
F2.CM.11.DEURF11CM026
G.CD.03.LA23LiEd
G.CM.08.789 10
G.CM.10.DEMG10CM008
G.CN.08.GX.2084.08
G.CN.16.224GX
G.ES.14.EUR.0033
G.GW.08.LA57LnMe
G.KE.09.DEMG09KE001
G.NG.12.12NG060409
H.CD.04.LA19KoSa
H.CF.02.LA25LeM1
J.CD.03.LA26D1An
J.CM.04.04CMU11421
K.CD.97.97CD.EQT011
K.CM.96.96CM.NF535
01.AE.CM.11.1156.26
01.AE.CN.12.DE0012CN011
01.AE.IR.10.10IR.THR48F
01.AE.JP.11.DE0011JP003
01.AE.MM.14.FKSDU26
01.AE.PH.15.DE0015PH012
01.AE.SE.12.0785E
01.AE.TH.10.DE0010TH001
01.AE.TH.11.40436v09.04
01.AE.TH.90.CM240
02.AG.CM.10.DE00210CM013
02.AG.DE.09.701114
02.AG.KR.12.12MHI11.10746
02.AG.KR.12.12MHR9
02.AG.LR.x.P0C44951
02.AG.NG.12.12NG060304
02.AG.NG.x.IB032
02.AG.PK.15.PK032
02.AG.SE.14.098GN

GGACTCGGCTTGTCTGAAG...CGC...GCACGGCAAGAGGCC...AGGGCC...GGC...GACTGG.TGAGTACGCCAAAAA.....TTTTGACTAGCGGAGGCTAGA.....AGG.....AGAGAGATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTA
M G A R A S V L
812
812
281
288
190
417
167
24
162
18
20
815
276
324
355
840
815
291
24
24
24
753
242
62
191
836
357
24
123
90
233
181
24
257
24
24
814
24
24
252
24
814
117
177
168
267
832
179
24
163
24
18
151
168
18
24
172
329
24
252
708
855
269
178
178
831
279
197
50
37
235
851
197
25
850
659
831
331
24
172
135
30
297
3
759
24
116
25
378
180
24
481
475
823
25
393
391
291

B. FR. 83. HXB2

Multiple sequence alignment of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes. Header: AGCGGGGAGAAATAGATCGATGCGAAAAAATTCGGTTAAGCGACGGGGGAAAGAAAAATATAAATAAACATATAGTATGGGCAAGCAGGGAGCTAGAACGATTCCGAGTTAATCCTGGCCGTTT... 983. Rows list various HIV-1/SIV cpz strains and their corresponding nucleotide sequences aligned with the reference B. FR. 83. HXB2.

B. FR. 83. HXB2
Gag
A1. CD. 02. LA01A1Pr
A1. CM. 08. 886 24
A1. ES. 15. 100 117
A1. KE. 11. DEMA111KE002
A1. PK. 15. PK034
A1. RW. 11. DEMA111RW002
A1. SE. 13. 0785E
A1. UG. 11. DEMA110UG009
A2. CM. 01. 01CM 1445MV
A3. SN. 01. DDI579
A4. CD. 97. 97CD KCC2
A6. BY. 13. PV85
A6. IT. 02. 60000
A6. RU. 11. 11RU0950
A6. UA. 12. DEMA112UA024
B. AR. 14. DEMB14AR003
B. BR. 10. 10BR MG035
B. CU. 14. 14CU005
B. DE. 13. 366396
B. DR. 13. 947915
B. DO. 11. DEMB11DR001
B. ES. 15. 100600
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. JP. 12. DEMB12JP001
B. PH. 15. DEMB15PH003
B. RU. 11. 11RU21n
B. SE. 15. 1025E
B. TH. 10. DEMB10TH002
B. US. 16. 2609
C. BR. 11. DEMC11BR035
C. CN. 10. YNFL19
C. DE. 10. 622166
C. SE. 15. 100148
C. ET. 08. ET104
C. IN. 15. NIRT008
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
C. NG. 10. 10NG620523
C. NP. 11. 11NP61
C. PK. 14. DEMC14PK009
C. SE. 15. 100ET
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5
C. ZA. 13. DEMC13ZA152
C. ZM. 11. DEMC11ZM006
D. BR. 10. 10BR RJ095
D. CD. 03. LA17Mu0
D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. KE. 11. DEMD11KE003
D. SE. 12. 077UG
D. TZ. 04. 06405V4
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 11. DEMD11UG003
D. YE. 02. 02YE516
F1. AO. 06. AO 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 11. DEMF11BR037
F1. CY. 08. CY222
F1. ES. 11. VA0053 nfl
F1. FR. 04. LA22LeRe
F1. RO. 03. LA20DuCl
F1. RU. 08. 08R 845
F2. CM. 10. DEMF210CM007
F2. CM. 11. DEURF11CM026
G. CD. 03. LA23LiEd
G. CM. 08. 789 10
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. GX 2084 08
G. GN. 16. 224GX
G. ES. 14. EUR 0033
G. GW. 08. LA57LmNe
G. KE. 09. DEMG09KE001
G. NG. 12. 12NG060409
H. CD. 04. LA19KoSa
H. CF. 02. LA25LeM1
J. CD. 03. LA26D1An
J. CM. 04. 04CMU11421
K. CD. 97. 97CM EDT011
K. CM. 96. 96CM NF0535
01 AE. CM. 11. 1156 26
01 AE. CN. 12. DE00112CN011
01 AE. IR. 10. 10IR. THR48F
01 AE. JP. 11. DE00111JP003
01 AE. MM. 14. fKSDU26
01 AE. PH. 15. DE00115PH012
01 AE. SE. 12. 0785E
01 AE. TH. 10. DE00110TH001
01 AE. TH. 11. 40436v09_04
01 AE. TH. 90. CM240
02 AG. CM. 10. DE00210CM013
02 AG. DE. 09. 701114
02 AG. KR. 12. 12MHI11 10746
02 AG. KR. 12. 12MHR9
02 AG. LR. x. POC44951
02 AG. NG. 12. 12NG060304
02 AG. NG. x. IB05
02 AG. PK. 15. PK032
02 AG. SE. 14. 0986N

Sequence alignment table with columns for reference sequence (ACCATCCCTT...), variant identifiers, and alignment positions (1127-339). The table shows multiple rows of DNA sequence variants aligned to the reference sequence, with gaps represented by dashes and specific nucleotide changes indicated.

Draft of 25 June 2018, not for public release
hiv1dna_main.tex r10514-12210

	AAAGCA	CAGCAAGCA	GCAGCTGACACAGGACACAGC	AATCAG	GTCAGCCAAAATTACCCTATAGTCAGAACATCCAGGGCAAATGGTACATCAGGCCATATCA	1233
	K A	Q Q A	A A D T G H S	N Q	V S Q N Y P I V Q N I Q G Q M V H Q A I S	
B. FR. 83. HXB2	Gag					
A1.CD.02.LA01ALPr	-GAAC	-G	-A	-A	-A	-A
A1.CM.08.886 24	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
A1.ES.15.100 117	-G-A-T	-A-G	-A	-A	-A	-A
A1.KE.11.DEMA111KE002	-G-GA	-A-G	-A	-A	-A	-A
A1.PK.15.PK034	-GA	-A-G	-A	-A	-A	-A
A1.RW.11.DEMA111RW002	-GA-ACA	-GC	-A	-A	-A	-A
A1.SE.13.0785E	-G	-G-A-G	-GCA	-A	-A	-A
A1.UG.11.DEMA110UG009	-G-A	-A-G	-A	-A	-A	-A
A2.CM.01.01CM.1445MV	-GA	-A-G	-A	-A	-A	-A
A3.SN.01.DDI579	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
A4.CD.97.97CD.KCC2	-GA	-A-G	-AGTG	-G	-G	-G
A6.BY.13.PV85	-GA-C	-A-G	-A	-A	-A	-A
A6.IT.02.00000	-GA-C	-A-G	-GA	-G	-A	-A
A6.RU.11.11RU0950	-GA-C	-A-G	-G	-G	-A	-A
A6.UA.12.DEMA112UA024	-GA-C	-A-G-T	-G	-G	-A	-A
B.AR.14.DEMB14AR003	-G	-A	-A	-A	-A	-A
B.BR.10.10BR.MG035	-G	-A	-GT	-A	-A	-A
B.CU.14.14CU005	-GAT	-G	-A	-A	-A	-A
B.DE.13.366396	-G	-A	-G	-G	-A	-A
B.DR.13.947915	-G	-A	-G	-G	-A	-A
B.DO.11.DEMB11DR001	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.E5.15.100600	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.FR.11.DEMB11FR001	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.JP.12.DEMB12JP001	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.PH.15.DEMB15PH003	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.RU.11.11RU2	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.SE.15.1025E	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.TH.10.DEMB10TH002	-G	-G	-G	-G	-A	-A
B.US.16.2609	-G	-G	-G	-G	-A	-A
C.BR.11.DEMC11BR035	-CCT	-G	-G	-G	-G	-G
C.CN.10.YNFL19	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.DE.10.622166	-ATG	-G	-G	-G	-G	-G
C.E5.15.100118	-G	-G	-G	-G	-G	-G
C.ET.08.ET104	-G	-G	-G	-G	-G	-G
C.IN.15.NIRT008	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.MW.09.703010256.CH256.w96	-G	-G	-G	-G	-G	-G
C.NG.10.10NG020523	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.NP.11.11NP016	-G	-G	-G	-G	-G	-G
C.PK.14.DEMC14PK009	-G	-G	-G	-G	-G	-G
C.SE.15.100ET	-C-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-A	-G	-G	-G	-G	-G
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-G	-G	-G	-G	-G	-G
D.BR.10.10BR.RJ095	-C-G	-A-G	-G	-G	-G	-G
D.CD.03.LA17MuBo	-G	-A	-G	-G	-G	-G
D.CM.10.DEMD10CM009	-GG-A	-GC	-A	-A	-A	-A
D.CY.06.CY163	-G	-A	-A	-A	-A	-A
D.KE.11.DEMD11KE003	-G	-A	-A	-A	-A	-A
D.SU.12.077UG	-G	-A	-A	-A	-A	-A
D.TZ.04.C06405V4	-GGAAGCGG	-A	-A	-A	-A	-A
D.UG.10.DEMD10UG004	-T	-A	-A	-A	-A	-A
D.UG.11.DEMD11UG003	-G	-A	-A	-A	-A	-A
D.YE.02.02YE516	-G	-C	-A	-A	-A	-A
F1.A0.06.A0.06.ANG32	-A	-TG	-A	-A	-A	-A
F1.AR.02.ARE933	-GAG	-G	-G	-G	-G	-G
F1.BR.11.DEMB11BR037	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
F1.CY.08.CY222	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
F1.E5.11.VA0053.nfl	-A	-G	-A	-A	-A	-A
F1.FR.04.LA22LeRe	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
F1.RO.03.LA20DuCl	-GA	-G	-A	-A	-A	-A
F1.RU.08.0808.845	-GC	-A	-G	-G	-G	-G
F2.CM.10.DEMF210CM007	-A	-A-G	-G	-G	-G	-G
F2.CM.11.DEURF11CM026	-A	-G	-G	-G	-G	-G
G.CD.03.LA231eEd	-C-AT	-G	-AAGA-T	-GA	-GC-A	-A
G.CM.08.789 10	-A	-G	-ATGA-TGA	-A	-C-A	-A
G.CM.10.DEMG10CM008	-A	-G	-GG-GTGA	-A	-C-A	-A
G.CN.08.GX.2084.08	-GR	-A-G	-G	-G	-G	-G
G.CN.16.224GX	-G	-A-G	-GCA	-ATAAGTGA	-A-AG	-A
G.E5.14.EUR.0033	-AA	-A-G	-ATG	-TGA	-A-A	-A
G.GW.08.LA57LmMe	-AA	-G	-GA	-A-A	-GC-A	-A
G.KE.09.DEMG09KE001	-C-T	-G	-CAGA	-GG-A	-GC-A	-A
G.NG.12.12NG060409	-G-AAC	-A-G	-AG-GT-AG	-A-T	-GGC-A	-A
H.CD.04.LA19koSa	-A	-G	-A	-T-A	-A-A	-A
H.CF.02.LA25LeM1	-A	-G	-A	-G-A	-GGA	-A
J.CD.03.LA26D1An	-C-GA	-A-T	-A	-A-AA-G	-A-G	-A
J.CM.04.04CMU11421	-C-G	-A	-A	-A-RR	-R	-A
K.CD.97.97CD.EQT811	-G	-A	-G	-A	-G	-A
K.CM.96.96CM.NF535	-C-GA	-A-G	-AA	-A	-G	-A
01.AE.CM.11.1156.26	-GA	-G	-C	-AG	-GCA-A	-A
01.AE.CN.12.DE00112CN011	-GA	-G	-GT	-AG-A	-GCA-A	-A
01.AE.IR.10.10IR.THR48F	-GA	-A	-G	-AG	-GCA-A	-A
01.AE.JP.11.DE00111JP003	-GA	-G	-AG	-A	-GCA-A	-A
01.AE.MM.14.FKSDU26	-GA	-G	-G	-AG-A	-G-A	-A
01.AE.PH.15.DE00115PH012	-GA	-G	-AG	-AG	-GCA-A	-A
01.AE.SE.12.0785E	-C-GA	-G	-G	-AG	-GCA-A	-A
01.AE.TH.10.DE00110TH001	-GA	-G	-C	-G	-GCA-A	-A
01.AE.TH.11.40436v09.04	-GA	-G	-G	-AG-G-T	-GCA-A	-A
01.AE.TH.90.CM240	-GA	-G	-G	-AG	-GCA-A	-A
02.AG.CM.10.DE00210CM013	-AA	-G	-G	-AG	-GCA-A	-A
02.AG.DE.09.701114	-C-G	-A	-G	-AG	-GCA-A	-A
02.AG.KR.12.12MHR11.10746	-G	-G	-C-GT	-AG	-AGTCAAGTTTGG	-A
02.AG.KR.12.12MHR9	-C	-G	-C	-AT	-A	-A
02.AG.LR.x.P0C44951	-GA	-G	-C	-AG	-A	-A
02.AG.NG.12.12NG060304	-GA	-G	-C	-AG	-A	-A
02.AG.NG.15.IBNG	-G	-G	-C	-AG	-A	-A
02.AG.PK.15.PK032	-G	-G	-C	-AG	-A	-A
02.AG.SE.14.098GN	-GA	-G	-C	-C-CTT-A	-AG-G	-A

B. FR. 83. HXB2
Gag
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. V1 1910
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. IT. 99. AKR2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 A5U. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. EE. 01. EE0369
33 AB. ID. 07. 07AB189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR3170
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023 T
55 01B. CN. 10. HNC102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 01B. IT. 11. 09S1499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420.
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE006
72 BF1. BR. 10. 10BR ME002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNT013DT013
79 0107. CN. 13. SX150T013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNHS18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 99. 99CMU4122
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilynn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Sequence alignment table showing Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start, and Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start. Columns include sequence identifiers, amino acid positions (K, A, Q, Q, A, A, A, D, T, G, H, S, N, Q, V, S, Q, N, Y, P, I, V, Q, N, I, Q, G, Q, M, V, H, Q, A, I, S), and nucleotide positions (593, 469, 495, 599, 612, 609, 1258, 571, 441, 438, 434, 612, 609, 1241, 611, 706, 641, 594, 450, 550, 459, 708, 438, 438, 682, 693, 441, 1244, 602, 637, 687, 874, 678, 438, 442, 438, 432, 647, 719, 441, 772, 758, 1225, 674, 675, 444, 668, 649, 440, 550, 579, 632, 549, 584, 435, 582, 1208, 672, 580, 780, 593, 622, 588, 579, 606, 689, 743, 756, 536, 524, 616, 414, 423, 587, 384, 602, 444, 615, 1274, 1282, 709, 1282, 710, 1281, 1281, 438, 1199, 732, 607, 698, 1262, 1328, 1281, 694, 574).

B. FR. 83. HXB2
Gag
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. V1. 1910
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ. BF051
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR09 C
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. Cu1093
21 AZD. KR. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 011CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpX. FR. 05. 05CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EEO369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. IY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRRJ1749
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpX. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK018 1
53 01B. MY. 11. 11IFR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 BF. CN. 10. 10BFL102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 IT. IT. 11. 11IT0499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpX. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNB090
78 cpX. CN. 13. YNTC
79 0107. CN. 13. SX155BT013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNS18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL255g
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. M. X. pCM02 3
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (P, R, T, L, N, A, W, V, K, V, V, E, E, K, A, F, S, P, E, V, I, P, M, F, S, A, L, S, E, G, A, T, P, Q, D, L, N, T, M, L, N, T, V, G, G, H, Q, A, A, M, Q, M, L, K, E, T, I) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-1 strains.

Table of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Columns include accession numbers (e.g., A1.CD.02.LA01A1Pr), reference sequence (CAATGAGGAAGCTGCA...), and aligned sequences with gaps represented by dashes. A scale bar at the top indicates positions from 1560 to 1590.

B. FR. 83. HXB2
Gag
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. VI. 1310
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF01
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. Cu103
21 AZD. KR. 99. KR2903
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 BF. BR. 95. 95BR FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID K189 C
34 01B. TH. 99. 09R1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR3179
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FFS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpX. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 1792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKLO18 1
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MY5B023
55 01B. CN. 10. HNI102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 IT. 11. BAN7499
61 BC. CN. 10. JL100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpX. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR NP002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpX. CN. 13. YNTC15B0T013
79 0107. CN. 13. SX15B0T013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNHS18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 99. 99CMO 2
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Sequence alignment table showing Gag protein regions (NEE EAA EWDRVHPVHAGPIAPGGQMRERPRGSDIAGTTSSTLQEQIIGW#MTN) for various HIV-1 strains. The table consists of multiple rows, each representing a different strain, and columns representing amino acid positions. The sequences are aligned to the B. FR. 83. HXB2 reference strain. The alignment shows conserved regions and variations across different HIV-1 clades and subtypes.

1650
920
792
926
930
1585
898
758
771
939
936
1568
938
1033
968
921
777
877
786
1035
765
765
1009
1020
768
1571
1574
929
964
1014
1201
959
765
769
768
759
974
1034
1046
768
1099
1085
1088
1552
1001
1002
771
905
974
767
877
906
906
876
911
762
911
759
1555
999
907
1107
920
949
915
906
933
1016
1070
1068
1083
863
851
720
943
741
750
914
711
959
771
942
1604
1612
1039
1612
1040
1611
768
765
1610
1529
1059
934
1025
1592
1664
1608
1024
901

B. FR. 83. HXB2
Gag
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. VI. 1910
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CN. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 BF. BR. 04. 04BRR1379
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UY09 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR1379
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. C080
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 1792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK018 1
53 01B. MY. 11. 11FJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10H0102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BF. IT. 11. 08V499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR ME002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpx. CN. 13. YNT02
79 0107. CN. 13. SX15DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
O. CM. 96. LA51YBF35
O. CM. 96. LA52YBF39
O. CM. 99. 99CMU4122
O. CM. X. DCMD2
O. ES. 01. Read25 HIV_Group0
O. FR. 06. RBF206
O. GA. 10. 10GAb1190
O. GA. 11. 11GAb6352
O. SN. 99. 99S5 MP1300
O. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table of HIV-1 genome sequences aligned to the HXB2 reference. The reference sequence is shown at the top: ATGAGGAGA A A A T . . . T A T A A A A G A T G G A T A C T C G G G A T T A A A A A A T A G T A A G A A T G T A G C C T A C C A G C A T T C G G A C A A G A C A A G G A C C C T T T A G A G A C T G T A G C C G G T T C T A T A A A A C T C T A A G A C C G A G C A A G C T T C A C A G G A G G T A

Gag p24 Capsid end Gag p2 start

Table of HIV-1 genome alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2), nucleotide sequences (A, C, G, T), and alignment scores (e.g., 1915, 1366, 1373).

B. FR. 83. HBX2
Gag
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. UR. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. VI. 1910
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96T7 BF051
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. JT. 99. KER2903
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 BF. BR. 04. 04BRR1379
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EE0369
33 01B. ID. 01. 01ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. IY. 03. IY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR1379
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. C080
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 CP. GM. 03. M26677
50 A1D. GB. 10. 10. 792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSR023
55 01B. CN. 10. 10A102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09NLNA423
60 01B. IT. 11. 11B0499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpX. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNB090
78 cpX. CN. 13. YNTC
79 0197. CN. 15. SX15BT013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNHS18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL255g
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. X. DC002
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAB1190
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Genomic alignment table for HIV-1 Gag p24 Capsid end to Gag p2 start. Columns include sequence coordinates (K-NW-MT-E-T-L-L-V-Q-N-A-N-P-D-C-K-T-I-L-K-A-L-G-P-A-A-T-L-E-E-M-M-T-A-C-Q-G-V-G-G-P-G-H-K-A-R-V-L-A-E-A-M-S-Q-V) and individual sequence variants with their corresponding reference identifiers.

Gag-Pol fusion TF protein start
Gag p2 end Gag p7 nucleocapsid start

<p>B. FR. 83. HXB2 Gag A1. CD. 02. LA01A1Pr A1. CM. 08. 886 24 A1. ES. 15. 100 117 A1. KE. 11. DEM111KE002 A1. PK. 15. PK034 A1. RW. 11. DEM111RW002 A1. SE. 13. 0785E A1. UG. 11. DEM110UG009 A2. CM. 01. 01CM 1445MV A3. SN. 01. DD1579 A4. CD. 97. 97CD KCC2 A6. BY. 13. PV85 A6. IT. 02. 60000 A6. RU. 11. 11RU0950 A6. UA. 12. DEM112UA024 B. AR. 14. DEMB14AR003 B. BR. 10. 10BR MG035 B. CU. 14. 14CU005 B. DE. 13. 366396 B. DR. 13. 947915 B. DO. 11. DEMB11DR001 B. ES. 15. 100600 B. FR. 11. DEMB11FR001 B. JP. 12. DEMB12JP001 B. PH. 15. DEMB15PH003 B. RU. 11. 11RU21n B. SE. 15. 1025E B. TH. 10. DEMB10TH002 B. US. 16. 2609 C. BR. 11. DEMC11BR035 C. CN. 10. YNFL19 C. DE. 10. 622166 C. ER. 15. 100 117 C. ET. 08. ET104 C. IN. 15. NIRT008 C. MW. 09. 703010256 CH256.w96 C. NG. 10. 10NG026523 C. NP. 11. 11NP016 C. PK. 14. DEMC14PK009 C. SE. 15. 100ET C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8 C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5 C. ZA. 13. DEMC13ZA152 C. ZM. 11. DEMC11ZM006 D. BR. 10. 10BR RJ095 D. CD. 03. LA17MuBo D. CM. 10. DEMD10CM009 D. CY. 06. CY163 D. KE. 11. DEMD11KE003 D. SE. 12. 077UG D. TZ. 04. 06405V4 D. UG. 10. DEMD10UG004 D. UG. 11. DEMD11UG003 D. YE. 02. 02YE516 F1. A0. 06. A0 06 ANG32 F1. AR. 02. ARE933 F1. BR. 11. DEMF11BR037 F1. CY. 08. CY222 F1. ES. 11. VA0053 nfl F1. FR. 04. LA22LeRe F1. RO. 03. LA20DuCl F1. RU. 08. 08R 845 F2. CM. 10. DEMF210CM007 F2. CM. 11. DEURF11CM026 G. CD. 03. LA231eEd G. CM. 08. 789 10 G. CM. 10. DEMG10CM008 G. CN. 08. GX 2084 08 G. GN. 16. 224GX G. ES. 14. EUR 0033 G. GW. 08. LA57LnMe G. KE. 09. DEMG09KE001 G. NG. 12. 12NG060409 H. CD. 04. LA19koSa H. CF. 02. LA25LeM1 J. CD. 03. LA26D1An J. CM. 04. 04CMU11421 K. CD. 97. 97CD EQT811 K. CM. 96. 96CM MF535 01 AE. CM. 11. 1156 26 01 AE. CN. 12. DE00112CN011 01 AE. IR. 10. 10IR. THR48F 01 AE. JP. 11. DE00111JP003 01 AE. MM. 14. FKSDU26 01 AE. PH. 15. DE00115PH012 01 AE. SE. 12. 0785E 01 AE. TH. 10. DE00110TH001 01 AE. TH. 11. 40436v09_04 01 AE. TH. 90. CM240 02 AG. CM. 10. DE00210CM013 02 AG. DE. 09. 701114 02 AG. KR. 12. 12MHI11 10746 02 AG. KR. 12. 12MHR9 02 AG. LR. x. POC44951 02 AG. NG. 12. 12NG060304 02 AG. NG. x. IB033 02 AG. PK. 15. PK032 02 AG. SE. 14. 0986N</p>	<p>A. ACAAT...TCAGCTACCATA...ATGATGCAGAGA...GGCAATTTTAGAAC...CAAAGAAAGATTGTTAGTGTTCATTTGTGGCAAAGAGGGCACAACGCCAGAAATTCGACGGCCCTAGGAAAAAGG 2033 T N S A T I M M Q R G N F R N Q R K I V K C F N C G K E G H T A R N C R A P R K K CA-GG -A-A-A -A-GG -G-A-G -A-CT 2034 CA-C-A -A-A-G -CC-GG -G-A-A -A-TCT 1485 CA-C-G -T-A-A -G -G -G-A-GGA -A-A -A-CT G -A-T -A 1492 CA-C-A -T-A-G -A-GG -G-A-G -A-A -A-CT 1594 CA-C-A -CATA-A-A -T -A-GG -G-A-G -A-A -A-CT -C-A 1624 CA-C-G -A-A-G -A-GGT -G-A-GA -A -A-CT 1374 CA-C -A-A-A -T -GG -G-A -A -A-CT -T -A 1231 CA-C -A-A-A -A -GG-GGA -G-A -A -A-CT -A -A-CT 1372 CAC-G-ACAAATCAA-ATG -AGGT -C-A-GA -A -A-CT G -A-CT 1222 CA-C -A-A-A-G -GGT -G-A-GA -A -A-CT -T -A-CT 1224 TG -A -A -T -A-GGA -C -AGG -G-A-GA -A -A-CT -A -G 2019 CA -A-A-A -A -A -A-T -GGG -C-A-GA -A -A-CT -A -CT 1480 CA -G -A-A-A -A -A -A-T -AGG -CG-A-GA -A -A-CT -A -CT 2028 CA -A-A-A -A -A -A-T -AGG -C-A-GA -A -A-CT T -A-CT 1547 CA -A-A-A -ATG -A-T -AGG -C-A-GA -A -A-CT -T -A-CT 2047 G -G -T -A -A -C -C -CC -G -T -A -A -T -G -G -A 2025 TG -T -TG -ACC-A -G -TG -A -A -T -G -G -A 1501 CA -A -A -A -A -A -G -G -T -A -A -A -A -G -G -A 1234 CA -A -A -A -A -A -A -GG -G -G -G -A -A -C -G -TT -A -A -G 1243 CA -A -A -A -A -A -A -G -G -G -G -G -G -G -T -A -A -G 980 C -A -G -T -G -G -C -A -A -G -T -A -A -A -C -G 1452 C -A -G -T -G -G -C -A -A -G -G -T -A -A -A -A -G 1272 CA -TA -A -A -T -A -G -GCA -C -G -T -A -A -G -A -G 1401 A -G -C -A -A -C -A -T -A -A -A -A -A -A 2046 ACA-ATTCAGCCG -ATG -A -A -A -A -T -T -A -A -A -A -A 1582 C -C -A -C -C -C -A -A -A -A -A -A -T -T -A -A -A -A -G 1240 G -CC -C -C -G -G -C -A -A -A -A -A -A -T -T -A -A -A -G 1333 AC -A -A -G -A -A -A -A -AAGG -CT -GA -C -A -A -C -C -G -T -TT -A -A -A -A 1434 AC -GC -A -A -A -C -A -A -A -AAGG -CT -A -GA -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 1376 AC -GC -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -CT -A -GA -C -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 1219 C -A -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -CT -A -GA -C -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 1349 CAC -A -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -CT -ACC -A -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 1225 AC -AT -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -CC -A -GACC -A -A -C -C -G -G -A -T -A -A -A -A 1219 AC -A -A -A -C -A -A -A -A -AAGG -ACT -GA -A -A -A -A -C -C -G -G -A -T -A -A -A -A 2009 AC -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -GC -A -GA -A -A -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -T -A -A 1376 AC -G -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -ACT -GA -C -A -A -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 2077 C -A -G -G -T -G -G -G -G -A -AAGG -CT -A -GA -C -A -A -C -T -C -G -G -T -T -A -A -A -A -A -A 1450 AC -A -A -AT -A -A -A -A -A -AAGG -CT -GA -C -A -A -A -C -C -G -G -T -T -A -A -A -A -A 1225 AC -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -ACT -A -GA -A -A -A -A -A -C -G -G -A -T -A -A -A -T -A 2009 AC -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -CT -A -GA -A -A -A -A -A -C -G -G -G -T -A -A -A -T -A 1327 GGC -C -CATC -A -G -A -A -A -A -AAGG -CT -GA -A -A -A -A -C -G -G -G -T -A -A -A -C -A 1381 AC -A -A -A -A -A -A -A -A -AAGG -GCT -A -GA -A -A -A -A -C -G -G -G -T -A -A -A -A -G 1369 ACAGGTCAACTA -T -G -A -G -G -A -G -G -A -G -G -T -C -G -G -T -T -A -A -A -A -G 1483 G -GCC -T -G -A -G -G -G -GCC -T -G -A -G -G -TC -G -A -C -A -A -T -C -G -G -T -A -A -A 2045 AC -A -A -A -A -G -G -G -G -A -G -G -TC -A -GA -C -C -C -T -A -A -C -G 1383 G -CC -AATA -G -A -G -A -G -C -AG -GA -C -C -C -T -A -A -C -A -G 1234 TC -GTAAT -G -T -A -A -A -G -G -C -A -GA -C -C -C -G -T -A -A -A -A -G 1376 C -GCAAGT -G -AG -G -A -A -G -G -G -C -G -A -A -C -C -G -T -A -A -A -A -G 1243 GG -GCAG -T -AG -A -A -A -G -G -CC -A -AG -C -G -G -G -CT -A -A -A -A -A -G 1240 GTAAT -G -T -G -A -C -GG -C -G -A -GCA -C -C -G -CT -A -A -A -T -A 1364 GCAAAT -G -T -A -G -G -G -C -AG -GA -CA -A -C -T -G -T -A -A -A -G 1375 G -AACAA -T -G -A -G -A -A -C -G -A -A -A -C -T -T -A -A -C -A -G 1231</p>	<p>2034 1485 1492 1594 1624 1374 1231 1372 1222 1224 2019 1480 2028 1547 2047 2025 1501 1234 1243 980 1452 1272 1401 2046 1582 1240 1333 1315 1434 1376 1219 1349 1225 1219 2009 1376 2077 1450 1225 2009 1327 1381 1369 1483 2045 1383 1234 1376 1243 1240 1364 1375 1231 2222 1317 1317 1216 1447 1900 2056 1482 1373 1364 2038 1492 1407 1251 1255 1439 2046 1404 1235 2072 1863 2038 1541 2119 1376 1339 1237 1501 1207 1963 1222 1320 1229 1582 1390 1234 1688 1670 2018 1223 1588 1586 1216</p>
---	--	---

Gag-Pol -1 ribosomal slip site

Pol start

Gag p7 nucleocapsid end Gag p1 start

Gag p1 end Gag p6 start

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B. FR. 83. HXB2), sequence alignments (G, C, A, T), and accession numbers (1520-1596). The table shows multiple sequence alignments with gaps represented by dashes.

Accession	Sequence	Reference	Position
B. FR. 83. HXB2GCCACAGCCCCACCAGA.....AGAGAGCTTCAGGTCTGG.....GGTAGAGACAACAAC.....TCCCCCTCA.....GAAGCA.....GGAGCCGATAGA.....CAAAGGA.....2234	P T A P P R E E S F R V S W G V R E T T N T S P P Q K Q E A P I D R Q K E	
Gag	A N S P T R R E L Q R S W G V R E T T N T S P P Q K Q E A P I D R Q K E		
Pol	A N S P T R R E L Q R S W G V R E T T N T S P P Q K Q E A P I D R Q K E		
A1. CD. 02. LA01A1PrTGTG-ATG.....A-T.....	2236
A1. CM. 08. 886 24GTG-ATG.....A-T.....	1696
A1. ES. 15. 180 117ACT.....G-T.....	1703
A1. KE. 15. DEM111KE002GTG-ATG.....A-T.....	1602
A1. PK. 15. PK034T-TG-ATGA.....AG-T.....	1835
A1. RW. 11. DEM111RW002G-ACT-GG-ATG.....A-T.....	1585
A1. SE. 13. 0785ETCT-GG-ATG.....A-T.....	1442
A1. UG. 11. DEM111UG009T-TG-ATGA.....A-T.....	1583
A2. CM. 01. 81CM 1445MVA-G-TG-ATG.....A-T.....	1433
A3. SN. 01. DD1579TCT-C-GG-ATG.....A-T.....	1432
A4. CD. 97. 97CD KCC2C-GG-ATG.....G-T.....	2230
A6. BY. 13. PV85A-GGG-A-GACGGG.....A-T.....	1697
A6. IT. 02. 60000GA-C-TT-ATG.....A-T.....	2239
A6. RU. 11. 11RU6950G-A-A-TG-ATG.....A-T.....	1758
A6. UA. 12. DEM112UA024A-TG-ATG.....A-T.....	2258
B. AR. 14. DEMB14AR003A-A-T.....T-C.....	2236
B. BR. 10. 10BR MG035A.....T-C.....	1730
B. CU. 14. 14CU005G-CC-ATG.....A.....	1445
B. DE. 13. 366396G.....T.....	1448
B. DE. 13. 94791G.....T.....	1454
B. DO. 11. DEMB11DR001CCCCACCAGA.....AG-T.....	2200
B. ES. 15. 100600AT.....G.....	1660
B. FR. 11. DEMB11FR001CCCCACCAGA.....AG-T.....	1480
B. JP. 12. DEMB12JP001CCCCACCAGA.....AG-T.....	1621
B. PH. 15. DEMB15PH003G.....G.....	1621
B. RU. 11. 11RU21nG-T-T.....AG-T.....	1802
B. SE. 15. 1025EG-C.....C-T.....	1451
B. TH. 10. DEMB10TH002G.....AG-T.....	1556
B. US. 16. 2609G.....AG-T.....	1526
C. BR. 11. DEMC11BR035A.....C.....	1639
C. IN. 10. YNFI192C-T.....C.....	1587
C. DN. 10. 622286GCAGAGAGTTTCAGACCAGC.....C-T.....	1684
C. ES. 15. 100 118T-T-C.....C-G.....	1433
C. ET. 08. ET104T-C.....C-AG.....	1424
C. IN. 15. NIRT008T-C.....C-AG.....	2220
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96CTAGA.....A.....	1424
C. NG. 10. 10NG02523C.....C.....	1424
C. NP. 11. 11NP016T-A-T.....C-AG.....	1412
C. PK. 14. DEMC14PK009G.....C-AG.....	1655
C. SE. 15. 100ETG.....C-AG.....	1445
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8GT.....G.....	2214
C. US. 14. M018v1d14 5M04 C5CTTCAGAGCAGACCAGA.....C-AG.....	1565
C. ZA. 13. DEMC13ZA152CA.....C.....	1604
C. ZM. 11. DEMC11ZM006CA.....C.....	1589
D. BR. 10. 10BR RJ095G-T-C.....AG-T.....	1688
D. CD. 03. LA17MuBoG-T.....A-T.....	2259
D. CM. 10. DEMD10CM009G-T.....A-T.....	1609
D. CY. 06. CY163G-T.....AG-T.....	1442
D. KE. 11. DEMD11KE003A-C.....C-T.....	1584
D. SE. 15. 077UGC-T.....AG-T.....	1451
D. TZ. 04. C06405V4A.....C-T.....	1448
D. UG. 10. DEMD10UG004T-G-T.....AG-T.....	1572
D. UG. 11. DEMD11UG003G-T.....A-T.....	1586
D. YE. 02. 02YE516T.....C-T.....	1445
F1. AD. 06. AD 06 ANG32C.....C.....	1433
F1. AR. 02. ARE933G.....A-AG.....	1528
F1. BR. 11. DEMF11BR037G-T-C.....AG-T.....	1738
F1. CY. 08. CY222A-T.....G-C.....	1427
F1. ES. 11. VA0053 nflA.....AG-T.....	1658
F1. FR. 04. LA22LeReG-C.....AG-T.....	2114
F1. FR. 03. LA22uClT.....AG-T.....	2273
F1. RU. 08. D88 845G-G-C.....AG-T.....	1693
F2. CM. 10. DEMF210CM007G-C.....AG-T.....	1581
F2. CM. 11. DEURF11CM026G-T.....A-AG-T.....	1557
G. CD. 03. LA23LiEdC-G-T-C.....AG-T.....	2246
G. CM. 08. 789 10G-C-T-C.....AG-T.....	1700
G. CM. 10. DEMG10CM008C-T-C.....AG-T.....	1615
G. CN. 08. GX 2084 08C-T-C.....AG-T.....	1462
G. CN. 16. 2246XT-C-G-T-C.....AG-T.....	1460
G. ES. 14. EUR 0033G-C-G-T-C.....AG-T.....	1650
G. GW. 08. LA57LmNeG-C-T-C.....AG-T.....	2254
G. KE. 09. DEMG09KE001T-C-T-C.....AG-T.....	1612
G. NG. 12. 12NG060409G-C-T-C.....AG-T.....	1434
H. CD. 04. LA19KoS5aC-T-C.....AG-T.....	2280
H. CF. 02. LA25LeR1A-G-T.....AG-T.....	2071
J. CD. 03. LA26dIANG-T-C.....AG-T.....	2243
J. CM. 04. 04CMU11421G-T-C.....AG-T.....	1740
K. CD. 97. 97ZR EQTB11TG-T-C.....AGA-T.....	1430
K. CM. 96. 96CM MP535G-T-C.....AG-T.....	1430
01 AE. CM. 11. 1156 26G-ATG.....A-T.....	1584
01 AE. CN. 12. DE0012CN011A-A-GGG-ATG.....A-T.....	1544
01 AE. IR. 10. 10IR. THR48FT.....G-T.....	1424
01 AE. JP. 11. DE0011JP003A-A-GGG-ATG.....A-T.....	1709
01 AE. MM. 14. FKS0DU26A-A-GGG-AGG.....A-T.....	1418
01 AE. PH. 15. DE0015PH012G-A-GGG-ATG.....A-T.....	2124
01 AE. SE. 12. 0785EA-A-GGG-ATG.....A-T.....	1412
01 AE. TH. 10. DE00110TH001A-A-GGG-ATG.....A-T.....	1531
01 AE. TH. 11. 40436V09 04A-A-GGG-ATGA.....A-T.....	1428
01 AE. TH. 90. CM240A-A-GGG-ATG.....A-T.....	1808
02 AG. CM. 10. DEMD10CM013A.....GGAAGAGATAACGGG.....	1428
02 AG. DE. 09. 701114A-T.....T-TG-GTG.....	1445
02 AG. KR. 12. 12MH11 10746A.....G-ATG.....	1899
02 AG. KR. 12. 12MHR9A.....G-ATG.....	1893
02 AG. LR. x. POC44953G-C.....T-G-ATG.....	2229
02 AG. NG. 12. 2NG06060304A.....T-G-ATG.....	1434
02 AG. NG. x. IBNGA-T.....T-G-ATG.....	1759
02 AG. PK. 15. PK032A.....T-G-ATG.....	1797
02 AG. SE. 14. 098GNA.....C-GGG-ATGA.....	1427

Accession	Sequence	Position
B. FR. 83. HXB2G.....	2561
A1. CD. 02. LA01ALPrG.....	2021
A1. CM. 08. 886_24G.....	2028
A1. ES. 15. 100_117G.....	1927
A1. KE. 11. DEM111KE002G.....	2160
A1. PK. 15. PK034G.....	1910
A1. RW. 11. DEM111RW002G.....	1767
A1. SE. 13. 0785EG.....	1908
A1. UG. 11. DEM110UG009G.....	1758
A2. CM. 01. 01CM_1445MVG.....	1757
A3. SN. 01. DD1579G.....	2555
A4. CD. 97. 97CD_KCC2G.....	2022
A6. BY. 13. PV85G.....	2364
A6. IT. 02. 60000G.....	2083
A6. RU. 11. 11RU06950G.....	2583
A6. UA. 12. DEM112UA024G.....	2561
B. AR. 14. DEM14AR003G.....	2055
B. BR. 10. 10BR_MG035G.....	1770
B. CU. 14. 14CU005G.....	1773
B. DE. 13. 366396G.....	1779
B. DR. 13. 947915G.....	2525
B. DO. 11. DEMB11DR001G.....	1985
B. ES. 15. 100600G.....	1805
B. FR. 11. DEMB11FR001G.....	1946
B. JP. 12. DEMB12JP001G.....	2573
B. PH. 15. DEMB15PH003G.....	2130
B. RU. 11. 11RU21nG.....	1776
B. SE. 15. 1025EG.....	1881
B. TH. 10. DEMB10TH002G.....	1851
B. US. 16. 2609G.....	1958
C. BR. 11. DEMC11BR035G.....	1912
C. CN. 10. YNFL19G.....	1764
C. DE. 10. 622166G.....	2003
C. ES. 15. 100_118G.....	1761
C. ET. 08. ET104G.....	1743
C. IN. 15. NIRT008G.....	2539
C. MW. 09. 703010256_CH256.w96G.....	1747
C. NG. 10. 10NG020523G.....	1731
C. NP. 11. 11NP016G.....	1974
C. PK. 14. DEMC14PK009G.....	1764
C. SE. 15. 100ETG.....	2533
C. TZ. 08. 707010457_CH457.w8G.....	1884
C. US. 14. M0118v1d14_5M04_C5G.....	1926
C. ZA. 13. DEMC13ZA152G.....	1908
C. ZM. 11. DEMC11ZM006G.....	2013
D. BR. 10. 10BR_RJ095G.....	2584
D. CD. 03. LA17MuBoG.....	1934
D. CM. 10. DEMD10CM009G.....	1767
D. CY. 06. CY163G.....	1909
D. KE. 11. DEMD11KE003G.....	1773
D. SE. 12. 077UGG.....	1897
D. TZ. 04. C06405V4G.....	1914
D. UG. 10. DEMD10UG004G.....	1770
D. UG. 11. DEMD11UG003G.....	1853
D. YE. 02. 02YE516G.....	1752
F1. A0. 06. A0_06_ANG32G.....	1983
F1. AR. 02. ARE933G.....	2439
F1. BR. 11. DEM111BR037G.....	2598
F1. CY. 08. CY222G.....	2018
F1. ES. 11. VA0053_nflG.....	1906
F1. FR. 04. LA22LeReG.....	1882
F1. RO. 03. LA20DuClG.....	2571
F1. RU. 08. 080_845G.....	2019
F2. CM. 10. DEMF210CM007G.....	1940
F2. CM. 11. DEURF11CM026G.....	1799
G. CD. 03. LA231eDG.....	1785
G. CM. 08. 789_10G.....	1975
G. CM. 10. DEMG10CM008G.....	2576
G. CN. 08. GX_2084_08G.....	1934
G. CN. 16. 224GXG.....	1759
G. ES. 14. EUR_0033G.....	1906
G. GW. 08. LA57LmNeG.....	2576
G. KE. 09. DEMG09KE001G.....	1934
G. NG. 12. 12NG060409G.....	1759
H. CD. 04. LA19koSaG.....	2602
H. CF. 02. LA25LeM1G.....	2393
J. CD. 03. LA26D1AnG.....	2568
K. CM. 04. 04CMU11421G.....	2065
K. CD. 07. 947915_E0T811G.....	1755
K. CM. 96. 96CM_MP535G.....	1755
01 AE. CM. 11. 1156_26G.....	1909
01 AE. CN. 12. DE0012CN011G.....	1869
01 AE. IR. 10. 10IR_THR48FG.....	1749
01 AE. JP. 11. DE00111JP003G.....	2034
01 AE. MM. 14. fKSDU26G.....	1743
01 AE. PH. 15. DE0015PH012G.....	2409
01 AE. SE. 12. 0785EG.....	1737
01 AE. TH. 10. DE0010TH001G.....	1856
01 AE. TH. 11. 40436v09_04G.....	1753
01 AE. TH. 90. CM240G.....	2133
02 AG. CM. 10. DE00210CM013G.....	1926
02 AG. DE. 09. 701114G.....	1710
02 AG. KR. 12. 12MHI11_10746G.....	2224
02 AG. KR. 12. 12MHR9G.....	2218
02 AG. LR. x. POC44951G.....	2554
02 AG. NG. 12. 12NG060304G.....	1759
02 AG. NG. x. IB033G.....	2084
02 AG. PK. 15. PK032G.....	2122
02 AG. SE. 14. 098GNG.....	1752

B. FR. 83. HXB2
Pol
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. VI. 1310
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 011CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpX. FR. 04. 04CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EE0369
33 01B. LD. 07. 07LD004 C
34 01B. TH. 99. 00R1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. LY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRRJ1749
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpX. CM. 03. M2677
50 AID. GB. 10. 1792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1
53 01B. MY. 11. 11FJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 14. 14CN 102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BF. IT. 11. 11IT0499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 cpX. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR N002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNB090
78 cpX. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. SX15DT013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YHNS18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 BF. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
O. CM. 96. LA51YBF35
O. CM. 96. LA52YBF39
O. CM. 99. 99CMU4122
O. CM. 99. 99CMU4122
O. ES. 01. Read25 HIV_Group0
O. FR. 06. RBF206
O. GA. 10. 10GAb1190
O. GA. 11. 11GAb6352
O. SN. 99. 99SE MP1300
O. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marillyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Sequence alignment table for HIV-1 SIVcpz Complete Genomes. The table shows the reference sequence (B. FR. 83. HXB2) and its alignment with various other HIV-1 sequences. The reference sequence is: GATAGGGGGAATTGGAGGTTTTTACAAAGTAAGACAGTATGATCAGATACTCATAGAAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATAAATGGAAAGAAATCTGTTGACTCAGATTGGTTGCACTTTAAATTTCCCATAGGCC 2559. The alignment shows the reference sequence in uppercase and the other sequences in lowercase, with gaps indicated by dashes. The sequences are listed on the left, and their corresponding accession numbers are on the right.

Multiple sequence alignment of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes. Header sequence: TTTGCCATAAGAA... . Rows list accessions and positions 1-2900.

Table with columns for sample ID, sequence alignment (G Y E L H P D K W T V Q P I V L P E K D S W T V N D I Q K L V G K L N W A S Q I Y P G I K V R Q L C K L L R G T), and position. Rows include samples like A1.CD.02.LA01ALPr, A1.CM.08.886 24, A1.EE.15.180 117, etc.

B. FR. 83. HXB2
Pol
A1.CD.02.LA01ALPr
A1.CM.08.886 24
A1.EE.15.180 117
A1.KE.11.DEMA111KE002
A1.PK.15.PK034
A1.RW.11.DEMA111RW002
A1.SE.13.0785E
A1.UG.11.DEMA110UG009
A2.CM.01.01CM.1445MV
A3.SN.01.DDI579
A4.CD.97.97CD.KCC2
A6.BY.13.PV85
A6.IT.02.60080
A6.RU.11.11RU0950
A6.UA.12.DEMA112UA024
B.AR.14.DEMB14AR003
B.BR.10.10BR.MG035
B.CU.14.14CU005
B.DE.13.366396
B.DR.13.947915
B.DO.11.DEMB11DR001
B.ES.15.100600
B.FR.11.DEMB11FR001
B.JP.12.DEMB12JP001
B.PH.15.DEMB15PH003
B.RU.11.11RU021n
B.SE.15.1025E
B.TH.10.DEMB10TH002
B.US.16.2609
C.BR.11.DEMC11BR035
C.CN.10.YNFL19
C.DE.10.622166
C.ES.15.100118
C.ET.08.ET104
C.IN.15.NIRT008
C.MW.09.703010256.CH256.w96
C.NG.10.10NG026523
C.NP.11.11NP016
C.PK.14.DEMC14PK009
C.SE.15.100ET
C.TZ.08.707010457.CH457.w8
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5
C.ZA.13.DEMC13ZA152
C.ZM.11.DEMC11ZM006
D.BR.10.10BR.RJ095
D.CD.03.LA17MuBo
D.CM.10.DEMD10CM009
D.CY.06.CY163
D.KE.11.DEMD11KE003
D.SI.12.077UG
D.TZ.04.C06405V4
D.UG.10.DEMD10UG004
D.UG.11.DEMD11UG003
D.YE.02.02YE516
F1.A0.06.A0.06.ANG32
F1.AR.02.ARE933
F1.BR.11.DEMF11BR037
F1.CY.08.CY222
F1.ES.11.VA0053.nfl
F1.FR.04.LA22LeRe
F1.R0.03.LA20DuCl
F1.RU.08.0808.845
F2.CM.10.DEMF210CM007
F2.CM.11.DEURF11CM026
G.CD.03.LA23LiEd
G.CM.08.789 10
G.CM.10.DEMG10CM008
G.CN.08.GX.2084.08
G.CN.16.224GX
G.ES.14.EUR.0033
G.GW.08.LA57LnMe
G.KE.09.DEMG09KE001
G.NG.12.12NG060409
H.CD.04.LA19KoSa
H.CF.02.LA25LeM1
J.CD.03.LA26D1An
J.CM.04.04CMU11421
K1.CD.97.97CD.EQ0111
K.CM.96.96CM.NF0535
01.AE.CM.11.1156.26
01.AE.CN.12.DE00112CN011
01.AE.IR.10.10IR.THR48F
01.AE.JP.11.DE00111JP003
01.AE.MM.14.FKSDU26
01.AE.PH.15.DE00115PH012
01.AE.SE.12.0785E
01.AE.TH.10.DE00110TH001
01.AE.TH.11.40436v09.04
01.AE.TH.09.CM240
02.AG.CM.10.DEM0210CM013
02.AG.DE.09.701114
02.AG.KR.12.12MHI11.10746
02.AG.KR.12.12MHR9
02.AG.LR.x.P0C44951
02.AG.NG.12.12NG06060304
02.AG.NG.x.IB05
02.AG.PK.15.PK032
02.AG.SE.14.0986N

Table of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Columns include sample ID (e.g., B. FR. 83. HXB2), sequence alignment (AAGCACTAACAGAGTAATACCACTAACAGAGGAAGACAGAGCTAGACCTGGAGTGTATTATGACCCATCAAAAAGCTTAATAGCAGAAATACAGAGCAGGGGCAAGGGCAATGCATATCAAAATTTATCAA...), and a numerical column (3578).

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence																																																																																																																																																																																				
B. FR. 83. HBX2	TCATGGTGGACAGAGTATTGGCAAGCCACTGGAATTCCTGAGTGGGGATTTGTATAACCTCCCTCTAGTGA	A1.CD.02.LA01A1Pr	---TG---C---G---T---C---A---G---A---G---A---G---G---T---T---T---T---G---T---G---G	A1.CM.08.88624	---T---G---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.ES.15.100117	---T---G---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.KE.11.DEMA111KE002	---TG---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.PK.15.PK034	---T---TG---T---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.RW.11.DEMA111RW002	---TG---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.SE.13.0785E	---TG---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A1.UG.11.DEMA110UG009	---TG---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A2.CM.01.01CM1445MV	---TG---C---G---T---A---A---C---C---T---A---A---C---C---T---G---G---T---T---T---A---G---C---G	A3.SN.01.DDI579	---TG---T---G---T---AT---C---A---C---TC---A---C---AC---G---C---A---G---C---A---G---T---G	A4.CD.97.97CD KCC2	---TG---T---G---T---A---A---C---TC---A---C---TC---A---C---AC---G---C---A---G---T---G	A6.BY.13.PV85	---TG---C---G---T---A---A---C---TC---A---C---TC---A---C---AC---G---C---A---G---T---G	A6.IT.02.60000	---TG---C---G---T---A---A---C---TC---A---C---TC---A---C---AC---G---C---A---G---T---G	A6.RU.11.11RU06950	---TG---C---G---T---A---A---C---TC---A---C---TC---A---C---AC---G---C---A---G---T---G	A6.UA.12.DEMA112UA024	---TG---T---C---G---T---C---A---C---TC---G---A---C---G---G---C---TA---G---G---T---G	B.AR.14.DEMB14AR003	---TG---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.BR.10.10BR MG035	---TG---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.CU.14.14CU005	---TG---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.DE.13.366396	---TG---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.DR.13.947915	---TG---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.DO.11.DEMB11DR001	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.ES.15.100600	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.FR.11.DEMB11FR001	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.JP.12.DEMB12JP001	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.PH.15.DEMB15PH003	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.RU.11.11RU21n	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.SE.15.1025E	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.TH.10.DEMB10TH002	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	B.US.16.2609	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.BR.11.DEMC11BR035	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.CN.10.YNFL19	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.DE.10.622166	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.RU.15.100118	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.ET.08.ET104	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.IN.15.NIRT008	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.MW.09.703010256 CH256.w96	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.NG.10.10NG0826253	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.NP.11.11NP011	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.PK.14.DEMC14PK009	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.SE.15.100ET	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.TZ.08.707010457 CH457.w8	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.US.14.M0118vid14 5M04 C5	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.ZA.13.DEMC13ZA152	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	C.ZM.11.DEMC11ZM006	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.BR.10.10BR RJ095	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.CD.03.LA17MuBo	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.CM.10.DEMD10CM009	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.CY.06.CY163	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.KE.11.DEMD11KE003	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.LZ.12.077UG	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.LZ.04.C06405V4	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.UG.10.DEMD10UG004	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.UG.11.DEMD11UG003	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	D.YE.02.02YE516	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.A0.06.A006 ANG32	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.AR.02.ARE933	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.BR.11.DEMA111BR037	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.CY.08.CY222	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.ES.11.VA0053 nfl	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.FR.04.LA22LeRe	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.RO.03.LA20DuC1	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F1.RU.08.0808045	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F2.CM.10.DEMF210CM007	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	F2.CM.11.DEURF11CM026	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.CD.03.LA231eD	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.CM.08.78910	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.CM.10.DEMG10CM008	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.CN.08.GX208408	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.CV.16.224GX	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.ES.14.EUR0033	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.GW.08.LA57LnMe	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.KE.09.DEMG09KE001	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	G.NG.12.12NG060409	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	H.CD.04.LA19koSa	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	H.CF.02.LA25LeM1	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	J.CD.03.LA26D1An	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	J.M.04.04CMU11421	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	K.CD.97.97CD EQT11	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	K.CM.96.96CM NF0535	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.CM.11.115626	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.CN.12.DE00112CN011	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.IR.10.10IR.THR48F	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.JP.11.DE00111JP003	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.MM.14.FKSDU26	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.PH.15.DE00115PH012	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.SE.12.0785E	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.TH.10.DE00110TH001	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.TH.11.40436v09_04	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	01.AE.TH.90.CM240	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.CM.10.DE00210CM013	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.DE.09.701114	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.KR.12.12MHI1110746	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.KR.12.12MHR9	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.LR.x.P0C44951	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.NG.12.12NG060304	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.NG.x.IB00	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.PG.15.PK032	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G	02.AG.SE.14.0986N	---TG---G---T---A---A---C---TC---A---G---A---G---T---T---T---A---A---GT---A---A---G

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

B. FR. 83. HBX2
 Pol
 02 AG. SN. 13. 9580
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
 95 DF. BE. X. V1110
 06 cp. AU. 96. BFP90
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 cpX. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
 11 cpX. FR. 95. 95CF 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 AZD. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpX. CU. 99. CU76
 19 cpX. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 AZD. KR. 99. KRZ903
 22 01A1. CM. 01. 011CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpX. CM. 02. 021818L
 26 ASU. CD. 02. 0220 NBT047
 27 cpX. FR. 05. 05CF KZ5
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06AG. FE. 01. EEO369
 33 01B. ID. 01. 01ID C
 34 01B. TH. 99. OUIR1969P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRK1749
 40 BF. BR. 05. 05BRR1055
 41 CD. TZ. 05. C06577V5
 42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpX. CM. 03. M2677
 50 AID. GB. 10. 7792
 51 01B. SG. 11. 115G HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
 53 01B. MY. 11. 111FR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSR023
 55 01B. CN. 18. HSL102056
 56 cpX. FR. 10. URF5 patient_A
 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
 58 01B. MY. 09. 09MYPR37
 59 01B. CN. 09. 09YNA423
 60 01T. 11. 8VA199
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 cpX. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
 72 BF1. BR. 10. 10BR PE002
 73 BG. DE. 01. 9196 01
 74 01B. MY. 10. 10MYPR268
 77 cpX. MY. 14. 14MYNBB090
 78 cpX. CN. 13. YNTO
 79 0107. CN. X1515BT013
 82 cpX. MM. 13. mSSDU12
 83 cpX. MM. 13. mSSDU94
 85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
 86 BC. CN. 13. 15YNS18
 87 cpX. CN. 12. DH32
 88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
 90 BF1. BR. 11. BRG06043
 0. CM. 96. LA51YBF35
 0. CM. 96. LA52YBF39
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. CM. pCM02
 0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
 0. FR. 06. RBF206
 0. GA. 10. 10GAB1190
 0. GA. 11. 11GAB6352
 0. SN. 99. 99S5 MP1300
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 15. S4858
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. TZ. 06. TAN5
 CPZ. US. 85. US Marilynn
 GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
 GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

B. FR. 83. HXB2

02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. UR. 97. KAL153 2
04 CPX. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. VI 110
06 CPX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 CPX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 CPX. CN. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 CPX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 CPX. CU. 99. CU76
19 CPX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KRZ003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 CPX. CM. 02. I918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 CPX. FR. 04. 04FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUIR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 CPX. CM. 00. 00CMNYU830
37 CPX. CM. 00. 00CMNYU926
39 BF. IY. 03. IY09 3389
39 BF. BR. 04. 04BR31749
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LU0F 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 CPX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 CPX. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 10792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR364
54 01B. MY. 09. 09MYSR023
55 01B. CN. 10. 10CN102056
56 CPX. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sq
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 01B. IT. 11. 11IT1409
61 BC. CN. 10. JL100010
62 BC. CN. 10. YNFI13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFI31
65 CPX. CN. 10. YNFI01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 CPX. MY. 14. 14MYNB090
78 CPX. CN. 13. YNTO13
79 0107. CN. 10. S135DT013
82 CPX. MM. 13. mSSDU12
83 CPX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 CPX. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL125sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CHU4122
0. CM. X. CDM0 02
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAB1190
0. GA. 11. 11GAB6352
0. SI. 99. 99SI MP1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

TATGTGTTACTAATAGAGAAAGCAAAAAGTTGTCCCTCAACTGACACAACAAAATCAGAAGCTGAGTTACAAGCAATTTTACTAGCTTTGCGAGGTTGCGGATAGAAAGTAAACATAGTAACAGACTCACAAATAGCAATTAGGAATCATTCAAGCACAAACAGATCAAAG 4087

Table of sequence alignments for HIV-1/SIV cpz Complete Genomes. Each row shows a sequence alignment starting with 'Y V T T N R G R Q K V V T L T D T T N Q K T E L Q A I Y L A L Q D S G L E V N I V T D S Q Y A L G I Q A Q P D Q S' and followed by a sequence of nucleotide characters (A, C, G, T) with gaps (.-) indicating mismatches or insertions. The right side of the table shows the corresponding reference sequence for each line.

Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end, Pol p31 Integrase start

Genomic alignment data showing nucleotide sequences for various HIV-1/SIV cpz strains. The alignment is presented in a grid format with columns representing genomic regions and rows representing individual sequences. The top sequence is the reference sequence: TGAATCAGAGTTAGTCAATCAAATAATAGACAGTAAATAAAAAGGAAAGGTCCTACTCGGCATGGTACCGACACAAAGGAATGGAGGAATGAACAAGTAGATAAATAGTCAGTCTGGAATCAGAAAGTACTATTTTAGATGGAATAGATAGAGCCCAAG 4257. The alignment shows variations (insertions, deletions, and substitutions) across the genome for numerous strains, including B.FR.83.HXB2, B.A1.CD.02.LA01ALPr, B.A1.CM.08.886.24, B.A1.EE.15.180.117, B.A1.EE.11.DEMA111KE002, B.A1.PK.15.PK034, B.A1.RW.11.DEMA111RW002, B.A1.SE.13.0785E, B.A1.UG.11.DEMA110UG009, B.A2.CM.01.01CM.1445MV, B.A3.SN.01.DDI579, B.A4.CD.97.97CD.KCC2, B.A6.BY.13.PV85, B.A6.IT.02.60000, B.A6.RU.11.11RU0950, B.A6.UA.12.DEMA112UA024, B.AR.14.DEMB14AR003, B.BR.10.10BR.MG035, B.CU.14.14CU005, B.DE.13.366396, B.DR.13.947915, B.DO.11.DEMB11DR001, B.ES.15.100600, B.FR.11.DEMB11FR001, B.JP.12.DEMB12JP001, B.PH.15.DEMB15PH003, B.RU.11.11RU21n, B.SE.15.1025E, B.TH.10.DEMB10TH002, B.US.16.2609, B.BR.11.DEMC11BR035, C.CN.10.YNFL19, C.DE.10.622166, C.FR.15.100119, C.ET.08.ET104, C.IN.15.NIRT008, C.MW.09.703010256.CH256.w96, C.NG.10.10NG026253, C.NR.11.11NR015, C.PK.14.DEMC14PK009, C.SE.15.100ET, C.TZ.08.707010457.CH457.w8, C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5, C.ZA.13.DEMC13ZA152, C.ZM.11.DEMC11ZM006, D.BR.10.10BR.RJ095, D.CD.03.LA17MuBo, D.CM.10.DEMD10CM009, D.CY.06.CY163, D.KE.11.DEMD11KE003, D.LZ.04.06405V4, D.UG.10.DEMD10UG004, D.UG.11.DEMD11UG003, D.YE.02.02YE516, F1.A0.06.A0.06.ANG32, F1.AR.02.ARE933, F1.BR.11.DEMB11BR037, F1.CY.08.CY222, F1.EE.11.VA0053.nfl, F1.FR.04.LA22LeRe, F1.RO.03.LA20DuCl, F1.RU.08.0808.845, F2.CM.10.DEMF210CM007, F2.CM.11.DEURF11CM026, G.CD.03.LA23LiEd, G.CM.08.789.10, G.CM.10.DEMG10CM008, G.CN.08.GX.2084.08, G.CN.16.224GX, G.ES.14.EUR.0033, G.GW.08.LA57LnNe, G.KE.09.DEMG09KE001, G.NG.12.12NG060409, H.CD.04.LA19KoSa, H.CF.02.LA25LeM1, J.CD.03.LA26D1An, J.CM.04.04CMU11421, K.CD.07.07CD.E0T811, K.CM.96.96CM.MF535, 01.AE.CM.11.1156.26, 01.AE.CN.12.DE00112CN011, 01.AE.IR.10.10IR.THR48F, 01.AE.JP.11.DE00111JP003, 01.AE.MM.14.FKSDU26, 01.AE.PH.15.DE00115PH012, 01.AE.SE.12.0785E, 01.AE.TH.10.DE00110TH001, 01.AE.TH.11.40436v09.04, 01.AE.TH.90.CM240, 02.AG.CM.10.DE00210CM013, 02.AG.DE.09.091114, 02.AG.KR.12.12MHI11.10746, 02.AG.KR.12.12MHR9, 02.AG.LR.x.P0C44951, 02.AG.NG.12.12NG060304, 02.AG.NG.x.IB03, 02.AG.PG.15.PK032, 02.AG.SE.14.098GN

B. FR. 83. HXB2
Pol
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. v. VI. 1310
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 05. 05CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 03. I2K6677
34 01B. TH. 99. OUIR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. IY. 03. IY03 3389
39 BF. BR. 04. BRRR13179
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. C080
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M26677
50 AID. GB. 10. I2792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11IFR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10CN I02056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09NLNA423
60 01B. TH. 11. 11TH9499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFI 01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR ME002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC
79 0107. CN. 15. SX15BT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNHS18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 99. 99CMU4122
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (E, S, E, L, V, N, Q, I, I, E, Q, L, I, K, K, E, K, V, Y, L, A, W, V, P, A, H, K, G, I, G, G, N, E, Q, V, D, K, L, V, S, A, G, I, R, K, V, L, F, L, D, G, I, D, K, A, Q) and corresponding nucleotide sequences for each entry. The table is truncated on the right side.

Accession	Sequence	Score
B. FR. 83. HXB2	AT. GAACATGAGAAATATCAGTAAATGGAGAGCAATGGCTAGTGTATTTAACTGCCACCTGTAGTACAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTATAAATGTCAGCTAAAAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTAC	3804
02 AG. SN. 13. 9580	D # E H E K Y H S N W R A M A S D F N L P P V V A K E I V A S C D K C Q L K G E A M H G Q V D C S P G I W Q L D C T	3652
03 AB. RU. 97. KAL153_2	-A -G -A-G -T -C -	3792
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3	-A -G -A-G -T -C -	3808
05 DF. BE. v. VI. 1910	-A -G -A-G -T -C -	3758
06 cpx. AU. 96. BFP90	-A -T -A-G -C -	4454
07 BC. CN. 98. 98CN009	-A -G -A-GG -C -	3758
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F	-A -G -A-G -C -	3606
09 cpx. GH. 96. 96GH29111	-A -G -A-G -C -	3628
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF051	-A -G -A-G -C -	3805
11 cpx. FR. 95. 95CN_1816	-A -G -A-G -C -	3790
12 BF. AR. 99. ARMA159	-G -A -A-G -AC -	4431
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849	-A -T -A-G -C -	3831
14 BG. ES. 05. X1870	-G -G -A-G -A -	3893
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079	-A -G -A-G -C -	3825
16 AZD. KR. 97. 97KR004	-A -G -A-G -C -	3789
17 BF. AR. 99. ARMA038	-G -A -A-G -AC -	3640
18 cpx. CU. 99. CU76	-A -T -A-G -AC -	3731
19 cpx. CU. 99. CU7	-A -T -A-G -C -	3652
20 BG. CU. 99. Cu1093	-A -T -A-G -C -	3892
21 AZD. KE. 99. KER2003	-A -T -A-G -C -	3651
22 01A1_CM_01_01CM_0001BBY	-A -C -ACG -C -	3634
23 BG. CU. 03. CB118	-A -G -A -C -	3869
24 BG. ES. 08. X2456_2	-A -G -A-G -C -	3877
25 cpx. CM. 02. 1918L	-A -G -A-G -C -	3634
26 ASU. CD. 02. 02CD_MBT047	-A -G -A-G -C -	4431
27 cpx. FR. 05. 95CD_FR_K25	-A -G -A-G -C -	3717
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-A -G -A -C -	3792
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-G -A -A -AC -	3827
31 BC. BR. 04. 04BR142	-A -G -A -C -	3898
32 06AG_EE_01_EE0369	-A -G -A -G -C -	4061
33 01B. ID. 07. 07ID_189_C	-A -T -A -G -C -	3727
34 01B. TH. 99. OUR1969P	-A -T -A -G -C -	3628
35 AD. AF. 07. 169H	-A -T -ACG -C -	3626
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU930	-A -T -A -G -C -	3631
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-A -T -A -G -C -	3616
38 BF. IY. 03. IY03_3389	-G -A -A -G -AC -	3849
39 BF. BR. 04. 04BRR3179	-A -G -A -A -	3903
40 BF. BR. 05. 05BRR1055	-A -G -A -A -	3909
41 CD. TZ. 05. C06577V5	-A -T -A -G -C -	3658
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03	-A -T -A -G -C -	3974
43 02G_SA_03_J11223	-A -G -Y -A -G -C -	3951
44 BF. CL. 00. CH80	-A -C -A -C -C -	3868
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK	-A -C -A -C -C -	4412
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625	-C -A -A -C -C -	3864
47 BF. ES. 08. P1942	-A -C -A -A -C -	3865
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-A -C -A -A -C -	3631
49 cpx. CM. 03. M2677	-A -C -A -G -C -	3848
50 A1D_GB. 10. 10792	-A -C -A -G -C -	3833
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021	-A -C -A -A -C -	3633
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1	-A -C -A -G -C -	3740
53 01B. MY. 11. 11IFR1364	-A -G -A -G -C -	3766
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-A -C -A -G -C -	3828
55 01B. CN. 10. 10CN102056	-A -C -A -G -C -	3756
56 cpx. FR. 10. URF5_patient_A	-A -C -A -A -C -	3777
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	-A -T -A -GG -C -	3610
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-A -C -A -G -C -	3771
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-A -T -A -G -C -	3610
60 01B. IT. 11. 11IT_18499	-A -T -A -G -C -	3843
61 BC. CN. 10. J1100010	-A -G -A -GG -C -	3847
62 BC. CN. 10. YNFI13	-A -G -A -GG -C -	3755
63 02A_RU. 10. 10RU6637	-A -C -A -G -C -	3967
64 BC. CN. 09. YNFI31	-A -G -A -G -C -	3780
65 cpx. CN. 10. YNFI_01	-A -G -A -G -C -	3797
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115	-A -G -A -G -C -	3769
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73	-A -G -A -G -C -	3760
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420	-A -G -A -G -C -	3793
70 BF1_BR. 10. 10BR_PE004	-A -G -A -G -C -	3882
71 BF1_BR. 10. 10BR_PE005	-A -G -A -G -C -	3930
72 BF1_BR. 10. 10BR_N002	-A -T -A -G -C -	3934
73 BG_DE. 01. 9196_01	-A -C -A -G -C -	3943
74 01B. MY. 10. 10MYPR268	-A -T -A -G -C -	3723
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090	-A -C -A -G -C -	3669
78 cpx. CN. 13. YNTO	-A -C -A -G -C -	3610
79 0107_CN_15_SX15BT013	-A -C -A -G -C -	3843
82 cpx. MM. 13. mSSDU12	-A -T -A -G -C -	3589
83 cpx. MM. 13. mSSDU94	-A -G -A -GG -C -	3598
85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2	-A -G -A -G -C -	3762
86 BC. CN. 13. 15YNH518	-A -G -A -G -C -	3559
87 cpx. CN. 12. DH32	-A -G -A -GG -C -	3777
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg	-A -G -A -GG -C -	3619
90 BF1_BR. 11. BRG06043	-A -G -A -G -C -	3814
O. CM. 96. LA51YBF35	-G -T -A -T -C -	4491
O. CM. 96. LA52YBF39	-A -T -T -T -C -	4484
O. CM. 99. 99CHU4122	-A -T -A -G -T -C -	3911
O. CM. v. pCM02_3	-A -T -A -G -T -C -	4478
O. ES. 01. Read25_HIV_Group0	-A -T -A -G -T -C -	3909
O. FR. 06. RBF206	-A -T -A -G -T -C -	4489
O. GA. 10. 10GAb1190	-A -T -A -G -T -C -	3637
O. GA. 11. 11GAb6352	-A -T -A -G -T -C -	3637
O. SN. 99. 99SE_MF1300	-A -T -A -G -T -C -	3849
O. US. 10. LTNP	-A -C -A -G -T -C -	4401
N. CM. 15. S4858	-G -T -A -G -T -C -	3952
N. FR. 11. N1_FR_2011	-G -T -A -G -T -C -	3827
P. CM. 06. U14788	-G -T -A -G -T -C -	3897
P. FR. 09. RBF168	-R -T -A -G -T -C -	4461
CPZ. TZ. 06. TAN5	-A -T -T -T -C -	4539
CPZ. US. 85. US_Marilyn	-A -C -C -T -C -	4486
GOR. CM. 12. SIVgor_BQID2	-G -T -A -T -C -	3896
GOR. CM. 13. SIVgor_BPID15	-A -T -A -T -C -	3767

Table with columns for sample ID and alignment sequence. The sequence consists of 108 amino acid positions, with gaps represented by dashes (-) and mismatches from the reference by different letters. The reference sequence is ACATTAGAAAGAAAAGTTATCCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAACGAGAAGTTATTCAGCAGAAAACAGGCAGGAAACAGCATATTTCTTTTAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACATACACTACTGCAACATGGCAGCAATTTCCACC.

Table with columns for sample ID, sequence alignment, and position. The alignment shows the sequence of each sample relative to a reference HIV-1 genome. The reference sequence is shown at the top, and each sample's sequence is shown below it, with dashes indicating gaps or mismatches. The position column on the right indicates the nucleotide position in the reference sequence.

Table with 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (V, F, I, H, N, F, K, R, K, G, G, I, G, G, Y, S, A, G, E, R, I, V, D, I, A, T, D, I, Q, T, K, E, L, Q, K, Q, I, T, K, I, Q, N, F, R, V, Y, Y, R, D, S, R, N, P, L, W, K), and Position (4938 to 4129). The table displays multiple alignments of HIV-1/SIV cpz complete genomes.

B. FR. 83. HXB2
Pol
A1. CD. 02. LA01ALPr
A1. CM. 08. 886 24
A1. ES. 15. 100 117
A1. KE. 11. DEM111KE002
A1. PK. 15. PK034
A1. RW. 11. DEM111RW002
A1. SE. 13. 078SE
A1. UG. 11. DEM110UG009
A2. CM. 01. 01CM 1445MV
A3. SN. 01. DD1579
A4. CD. 97. 97CD KCC2
A6. BY. 13. PV85
A6. IT. 02. 60000
A6. RU. 11. 11RU0950
A6. UA. 12. DEM112UA024
B. AR. 14. DEMB14AR003
B. BR. 10. 10BR MG035
B. CU. 14. 14CU005
B. DE. 13. 366396
B. DR. 13. 947915
B. DO. 11. DEMB11DR001
B. ES. 15. 100600
B. FR. 11. DEMB11FR001
B. JP. 12. DEMB12JP001
B. PH. 15. DEMB15PH003
B. RU. 11. 11RU21n
B. SE. 15. 102SE
B. TH. 10. DEMB10TH002
B. US. 16. 2609
C. BR. 11. DEMC11BR035
C. CN. 10. YNFL19
C. DE. 10. 622166
C. ES. 15. 100 118
C. ET. 08. ET104
C. IN. 15. NIRT008
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96
C. NG. 10. 10NG020523
C. NP. 11. 11NP016
C. PK. 14. DEMC14PK009
C. SE. 15. 100ET
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5
C. ZA. 13. DEMC13ZA152
C. ZM. 11. DEMC11ZM006
D. BR. 10. 10BR RJ095
D. CD. 03. LA17MuBo
D. CM. 10. DEMD10CM009
D. CY. 06. CY163
D. KE. 11. DEMD11KE003
D. SE. 12. 077UG
D. TZ. 04. C06405V4
D. UG. 10. DEMD10UG004
D. UG. 11. DEMD11UG003
D. YE. 02. 02YE516
F1. A0. 06. A0 06 ANG32
F1. AR. 02. ARE933
F1. BR. 11. DEMF11BR037
F1. CY. 08. CY222
F1. ES. 11. VA0053 nfl
F1. FR. 04. LA22LeRe
F1. RO. 03. LA20DuCl
F1. RU. 08. 080 845
F2. CM. 10. DEMF210CM007
F2. CM. 11. DEURF11CM026
G. CD. 03. LA23LeEd
G. CM. 08. 789 10
G. CM. 10. DEMG10CM008
G. CN. 08. GX 2084 08
G. CN. 16. 224GX
G. ES. 14. EUR 0033
G. GW. 08. LA57LmNe
G. KE. 09. DEMG09KE001
G. NG. 12. 12NG060409
H. CD. 04. LA19koSa
H. CF. 02. LA25LeM1
J. CD. 03. LA26D1An
J. CM. 04. 04CMU1421
K. CD. 07. 07CD EQT811
K. CM. 96. 96CM MF535
01. AE. CM. 11. 1156 26
01. AE. CN. 12. DE00112CN011
01. AE. IR. 10. 10IR. THR48F
01. AE. JP. 11. DE00111JP003
01. AE. MM. 14. fKSUDU26
01. AE. PH. 15. DE00115PH012
01. AE. SE. 12. 078SE
01. AE. TH. 10. DE00110TH001
01. AE. TH. 11. 40436v09_04
01. AE. TH. 90. CM240
02. AG. CM. 10. DE00210CM013
02. AG. DE. 09. 701114
02. AG. KR. 12. 12MHI11 10746
02. AG. KR. 12. 12MHR9
02. AG. LR. x. POC44951
02. AG. NG. 12. 12NG060304
02. AG. NG. x. IB0000
02. AG. PK. 15. PK032
02. AG. SE. 14. 098GN

B. FR. 83. HXB2
 Pol

02 AG. SN. 13. 9580
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
 05 DF. BE. v. VI. 110
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
 11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 AZD. KR. 97. 97KR004
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 AZD. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 1918L
 26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREP12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06AG. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. 07ID189 C
 34 01B. TH. 99. 09UR1969P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRR1379
 40 BF. BR. 05. 05BRR1055
 41 CD. TZ. 05. C06577V5
 42 BF. LU. 03. LU0BF 01 03
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CB00
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. CM. 03. M2677
 50 A1D. GB. 10. 1792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
 53 01B. MY. 11. 11FJR164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 59 01B. CN. 10. HNC102056
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
 58 01B. MY. 09. 09MYPR37
 59 01B. CN. 09. 09NLNA423
 60 BC. IT. 11. BAN099
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFI13
 63 02A. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNFI31
 65 cpx. CN. 10. YNFI01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
 73 BG. DE. 01. 9196 01
 74 01B. MY. 10. 10MYPR268
 77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
 78 cpx. CN. 13. YNT0
 79 0107. CN. 15. SX15DT013
 82 cpx. MM. 13. mSSDU12
 83 cpx. MM. 13. mSSDU94
 85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
 86 BC. CN. 13. 15YNHS18
 87 cpx. CN. 12. DH32
 88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
 90 BF1. BR. 11. BRG06043
 0. CM. 96. LA51YBF35
 0. CM. 96. LA52YBF39
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. CM. v. CMO02 3
 0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
 0. FR. 06. RBF206
 0. GA. 10. 10Gabb1190
 0. GA. 11. 11Gabb6352
 0. SN. 99. 99SE MP1300
 0. US. 10. LTNP
 N. CM. 15. S4858
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. TZ. 06. TAN5
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
 GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

GTATTCATCCAATTTAAAAGAAAAGGGGGATTGGGGGGTACAGTCAGGCGAAAAGAATAGTAGACAATAAGCAACAGACATACAAAATTAAGAAATACAAAAAAATTAACAAAATTCAAAATTTCCGGTATTACAGGGCAGCGAAAATCCCACTTGGAA 4936

V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I V D I I A T D I Q T K E L Q K Q I T K I Q N F R V Y Y R D S R N P L W K

.....-A-----T-----T-----C-----C-----CA-----4314
-A-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----A-----4316
-A-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----4302
G-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----4318
-A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----4964
-A-----T-----T-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----4268
-A-----T-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4116
-A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4138
-A-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----TA-----4315
-A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----A-----C-----G-----G-----4300
-A-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----4941
-A-----T-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----4341
-A-----T-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----4403
-A-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----TCC-----G-----C-----A-----4332
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----4299
-A-----T-----T-----T-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----4150
-A-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----4241
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----G-----TC-----C-----C-----G-----C-----A-----4162
-A-----G-----T-----T-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----4402
-A-----T-----T-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----4144
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4379
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4387
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4144
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4941
G-----G-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4927
-A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4302
-A-----T-----T-----C-----T-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----G-----4337
-A-----T-----T-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----TA-----4408
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----4571
-A-----R-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4237
-A-----T-----T-----T-----G-----GC-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4138
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----4136
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----A-----4141
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----C-----CA-----4126
-A-----T-----T-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----G-----4359
G-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----4143
-A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4419
-A-----G-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----4168
-A-----T-----T-----TC-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4484
-A-----T-----T-----TC-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4461
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4378
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4922
-A-----T-----T-----CA-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4374
-A-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4375
-A-----T-----G-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4141
-A-----T-----T-----TC-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----4141
-A-----T-----T-----T-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4343
-A-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4143
-A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4250
-A-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4276
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4338
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4246
-A-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4287
-A-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4120
-A-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4281
-A-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4893
-A-----T-----T-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4357
-A-----T-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4265
-A-----T-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4477
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CAG-----4290
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4307
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4279
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4270
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4303
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4392
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4440
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----4444
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4453
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4233
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4179
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4120
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4126
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4099
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4108
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----CA-----4272
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----4069
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----4287
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----4179
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----4324
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----5001
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4994
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4421
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4983
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4416
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4999
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4147
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4147
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4989
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4911
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4462
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4337
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4407
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4971
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----5049
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4996
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4406
-A-----T-----T-----G-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----4277



B. FR. 83. HBX2
Vif
Pol

Table of HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. Includes reference sequence (AGGCACGCAAGTCTCCCTG...), protein start sites (Vif, Pol, Gag, Pol, p31 integrase end), and alignment of 211 sequences with positions 4484-5106. Sequences listed include AG.SN.13.9580, AB.RU.97.KAL153.2, cpx.CY.94.94CY032.3, etc.

B. FR. 83. HXB2
 Vif
 A1. CD. 02. LA01A1Pr
 A1. CM. 08. 886 24
 A1. ES. 15. 180 117
 A1. KE. 11. DEMB111KE002
 A1. PK. 15. PK034
 A1. RW. 11. DEMA111RW002
 A1. SE. 13. 0785E
 A1. UG. 11. DEMA110UG009
 A2. CM. 01. 01CM 1445MV
 A3. SN. 01. DDI579
 A4. CD. 97. 97CD KCC2
 A6. BY. 13. PV85
 A6. IT. 02. 60000
 A6. RU. 11. 11RU0950
 A6. UA. 12. DEMA112UA024
 B. AR. 14. DEMB14AR003
 B. BR. 10. 10BR MG035
 B. CU. 14. 14CU005
 B. DE. 13. 366396
 B. DR. 13. 947915
 B. DO. 11. DEMB11DR001
 B. ES. 15. 100600
 B. FR. 11. DEMB11FR001
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. PH. 15. DEMB15PH003
 B. RU. 11. 11RU12
 B. SE. 15. 1025E
 B. TH. 10. DEMB10TH002
 B. US. 16. 2609
 C. BR. 11. DEMC11BR035
 C. CN. 10. YNFL19
 C. DE. 10. 622166
 C. GA. 15. 104 18
 C. ET. 08. ET104
 C. IN. 15. NIRT008
 C. MW. 09. 703010256 CH256.v96
 C. NG. 10. 10NG602523
 C. NP. 11. 11NP016
 C. PK. 14. DEMC14PK009
 C. SE. 15. 100ET
 C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
 C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5
 C. ZA. 13. DEMC13ZA152
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006
 D. BR. 10. 10BR RJ095
 D. CD. 03. LA17MuBo
 D. CM. 10. DEMD10CM009
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. SE. 12. 077UG
 D. TZ. 04. 06405V4
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG003
 D. YE. 02. 02YE516
 F1.A0. 06. A0 06 ANG32
 F1.AR. 02. ARE933
 F1.BR. 11. DEMB11BR037
 F1.CY. 08. CY222
 F1.ES. 11. VA0053 nfl
 F1.FR. 04. LA22LeRe
 F1.RO. 03. LA20DuCl
 F1.RU. 08. 088 845
 F2. CM. 10. DEMF210CM007
 F2. CM. 11. DEURF11CM026
 G. CD. 03. LA231eD
 G. CM. 08. 789 10
 G. CM. 10. DEMG10CM008
 G. CN. 08. GX 2084 08
 G. GN. 16. 224GX
 G. ES. 14. EUR 0033
 G. GW. 08. LA57LmMe
 G. KE. 09. DEMG09KE001
 G. NG. 12. 12NG060409
 H. CD. 04. LA19koSa
 H. CF. 02. LA25LeM1
 J. CD. 03. LA26D1An
 J. CM. 04. 04CMU11421
 K. CD. 97. 97CD E0T811
 K. CM. 96. 96CM M535
 01 AE. CM. 11. 1156 26
 01 AE. CN. 12. DE0012CN011
 01 AE. IR. 10. 10IR. THR48F
 01 AE. JP. 11. DE0011JP003
 01 AE. MM. 14. fKSDU26
 01 AE. PH. 15. DE0015PH012
 01 AE. SE. 12. 0785E
 01 AE. TH. 10. DE0010TH001
 01 AE. TH. 11. 40436v09_04
 01 AE. TH. 90. CM240
 02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. DE. 09. 701114
 02 AG. KR. 12. 12MHI1 10746
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 12. 12NG060304
 02 AG. NG. x. B05
 02 AG. PK. 15. PK032
 02 AG. SE. 14. 098GN

AGTTTGTAGAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGCTAGGGGATGGTTTTATAGACATCACTATGAAGCCCTCAACGAATAAGTTTCAGAAAGTACACATCCCCTACTAGGG...GAT...GCTAGA...TTGGTAATAACAACATATTTGGGGTCTGCATACAGGAA 5267
 S L V K H M Y V S G K A R G W F Y R H H Y E S P H R I S S E V H I P L G . D . A R . L V I T T T Y W G L H T G E
 Vif
 A1. CD. 02. LA01A1Pr
 A1. CM. 08. 886 24
 A1. ES. 15. 180 117
 A1. KE. 11. DEMB111KE002
 A1. PK. 15. PK034
 A1. RW. 11. DEMA111RW002
 A1. SE. 13. 0785E
 A1. UG. 11. DEMA110UG009
 A2. CM. 01. 01CM 1445MV
 A3. SN. 01. DDI579
 A4. CD. 97. 97CD KCC2
 A6. BY. 13. PV85
 A6. IT. 02. 60000
 A6. RU. 11. 11RU0950
 A6. UA. 12. DEMA112UA024
 B. AR. 14. DEMB14AR003
 B. BR. 10. 10BR MG035
 B. CU. 14. 14CU005
 B. DE. 13. 366396
 B. DR. 13. 947915
 B. DO. 11. DEMB11DR001
 B. ES. 15. 100600
 B. FR. 11. DEMB11FR001
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. PH. 15. DEMB15PH003
 B. RU. 11. 11RU12
 B. SE. 15. 1025E
 B. TH. 10. DEMB10TH002
 B. US. 16. 2609
 C. BR. 11. DEMC11BR035
 C. CN. 10. YNFL19
 C. DE. 10. 622166
 C. GA. 15. 104 18
 C. ET. 08. ET104
 C. IN. 15. NIRT008
 C. MW. 09. 703010256 CH256.v96
 C. NG. 10. 10NG602523
 C. NP. 11. 11NP016
 C. PK. 14. DEMC14PK009
 C. SE. 15. 100ET
 C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8
 C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5
 C. ZA. 13. DEMC13ZA152
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006
 D. BR. 10. 10BR RJ095
 D. CD. 03. LA17MuBo
 D. CM. 10. DEMD10CM009
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. SE. 12. 077UG
 D. TZ. 04. 06405V4
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG003
 D. YE. 02. 02YE516
 F1.A0. 06. A0 06 ANG32
 F1.AR. 02. ARE933
 F1.BR. 11. DEMB11BR037
 F1.CY. 08. CY222
 F1.ES. 11. VA0053 nfl
 F1.FR. 04. LA22LeRe
 F1.RO. 03. LA20DuCl
 F1.RU. 08. 088 845
 F2. CM. 10. DEMF210CM007
 F2. CM. 11. DEURF11CM026
 G. CD. 03. LA231eD
 G. CM. 08. 789 10
 G. CM. 10. DEMG10CM008
 G. CN. 08. GX 2084 08
 G. GN. 16. 224GX
 G. ES. 14. EUR 0033
 G. GW. 08. LA57LmMe
 G. KE. 09. DEMG09KE001
 G. NG. 12. 12NG060409
 H. CD. 04. LA19koSa
 H. CF. 02. LA25LeM1
 J. CD. 03. LA26D1An
 J. CM. 04. 04CMU11421
 K. CD. 97. 97CD E0T811
 K. CM. 96. 96CM M535
 01 AE. CM. 11. 1156 26
 01 AE. CN. 12. DE0012CN011
 01 AE. IR. 10. 10IR. THR48F
 01 AE. JP. 11. DE0011JP003
 01 AE. MM. 14. fKSDU26
 01 AE. PH. 15. DE0015PH012
 01 AE. SE. 12. 0785E
 01 AE. TH. 10. DE0010TH001
 01 AE. TH. 11. 40436v09_04
 01 AE. TH. 90. CM240
 02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. DE. 09. 701114
 02 AG. KR. 12. 12MHI1 10746
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 12. 12NG060304
 02 AG. NG. x. B05
 02 AG. PK. 15. PK032
 02 AG. SE. 14. 098GN

Table with columns for sample ID (e.g., B. FR. 83. HXB2), sequence alignment (AAGAGACTGGCATTGGGT...), and alignment score (5437). The alignment shows nucleotide differences between the reference and various samples.

B. FR. 83. HXB2
Vif
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. V1710
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. IT. 99. KER200
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MIBT047
27 cpx. FR. 95. 95CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMVNU830
37 cpx. CM. 00. 00CMVNU926
38 BF. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BR1379
40 BF. BR. 05. 05BR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. C890
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 10792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11IFR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10CN102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09NLNA423
60 IT. 11. 11IT0499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMY113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR NE002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC1510T013
79 0107. CN. 13. SX1510T013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNHS18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL125sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 00M02
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marillyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table with 40 columns (R, D, W, H, L, G, Q, G, V, S, I, E, W, R, K, K, R, Y, S, T, Q, V, D, P, E, L, A, D, Q, L, I, H, L, Y, F, D, C, F, S, D, S, A, I, R, K, A, L, L, G, H, I, V, S, P, R) and 500 rows of sequence data.

B. FR. 83. HXB2
Vif
Vpr
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153. 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032. 3
05 DF. BE. x. VI11310
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX. 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH1
10 A. TZ. 96. 96TZ. BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM. 1816
12 BF. AR. 99. ARMA038
13 cpx. CM. 96. 96CM. 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH. MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM. 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456. 2
25 cpx. CH. 02. 02CH195L
26 cpx. CU. 02. 02CU. MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD. FR. KZS
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
30 BF. BR. 04. 04BR142
31 06A6. AE. 07. MFI131E
33 01B. ID. 07. JKT189. C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 01B. LY. 03. LY03. 3389
39 BF. BR. 04. 04BRRJ179
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LU03. 01. 03
43 026. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR. AUK
46 BF. BR. 07. 07BR. FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A10. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG. HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018. 1
53 01B. MY. 11. 11MY164
54 01B. MY. 09. 09MY58023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 10. URF5. patient. A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09YNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. JL100010
62 BC. CN. 10. YNF13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 01B. CN. 09. YNF131
65 cpx. CN. 10. YNF101
67 01B. CN. 11. ANHUI. HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI. WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR. PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR. PE002
72 BF1. BR. 10. 10BR. MG002
73 BG. DE. 01. 9196. 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. SX15DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN. SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. 87
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMT22
0. CM. x. pCM02. 3
0. ES. 01. Read25. HIV. Group
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb632
0. SN. 99. 99S5. MF1500
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1. FR. 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US. Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor. B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor. BPID15

Table with columns for sequence identifiers and a large grid of nucleotide alignments (A, C, G, T) with gaps (-) and asterisks (*) indicating conserved positions. The sequence starts with ATGGAATATCAAGCAGGA... and ends with TCGAGATCAAGTAAAGCCACCTTTCCTAGTGTTCAGCAACGTACAGAGGATAGATGGAAACAGCCCAAGAAGCAAGGGC.

Vpr start
M E Q A P E D Q K G

Vif end

B. FR. 83. HXB2
 Vif
 Vpr
 A1. CD. 02. LA01A1Pr
 A1. CM. 08. 886_24
 A1. ES. 15. 180_117
 A1. KE. 15. DEMA111KE002
 A1. PK. 15. PK034
 A1. RW. 11. DEMA111RW002
 A1. SE. 13. 0785E
 A1. UG. 11. DEM110UG009
 A2. CM. 01. 81CM_1445MV
 A3. SN. 01. DD1579
 A4. CD. 97. 97CD_KCC2
 A6. BY. 13. PV85
 A6. IT. 02. 60800
 A6. RU. 11. 11RU6950
 A6. UA. 12. DEMA112UA024
 B. AR. 14. DEMB14AR003
 B. BR. 10. 10BR_MG035
 B. CU. 14. 14CU085
 B. DE. 13. 366396
 B. DE. 13. 94739
 B. DO. 11. DEMB11DR001
 B. ES. 15. 100600
 B. FR. 11. DEMB11FR001
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. PH. 15. DEMB15PH003
 B. RU. 11. 11RU21n
 B. SE. 15. 1025E
 B. TH. 10. DEMB10TH002
 B. US. 16. 2609
 C. BR. 11. DEMC11BR035
 C. BR. 10. YNF11
 C. DR. 10. 62282
 C. ES. 15. 100_118
 C. ET. 08. ET104
 C. IN. 15. NIRT008
 C. MW. 09. 703010256_CH256_w96
 C. NG. 10. 10NG0523
 C. NP. 11. 11NP016
 C. PK. 14. DEMC14PK009
 C. SE. 15. 100ET
 C. TZ. 08. 707010457_CH457_w8
 C. US. 14. M018v1d14_5M04_C5
 C. ZA. 13. DEMC13ZA152
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006
 D. BR. 10. 10BR_RJ095
 D. CD. 03. LA17MuBo
 D. CM. 10. DEMD10CM009
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. SE. 15. 077UG
 D. TZ. 04. C06405V4
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG003
 D. YE. 02. 02YE516
 F1. AD. 06. AD_06_ANG32
 F1. AR. 02. ARE933
 F1. BR. 11. DEMF11BR037
 F1. CY. 08. CY222
 F1. ES. 11. VA0053_nfl
 F1. FR. 04. LA22LeRe
 F1. FR. 03. LA20C1
 F1. RU. 08. D88_845
 F2. CM. 10. DEMF210CM007
 F2. CM. 11. DEURF11CM026
 G. CD. 03. LA23LiEd
 G. CM. 08. 789_10
 G. CM. 10. DEMG10CM008
 G. CN. 08. GX_2084_08
 G. CN. 16. 224GX
 G. ES. 14. EUR_0033
 G. GW. 08. LA57LmMe
 G. KE. 09. DEMG09KE001
 G. NG. 12. 12NG690499
 H. CD. 04. LA19KoSa
 H. F. 02. LA25LeRn1
 J. CD. 03. LA26Dian
 J. CM. 04. 04CMU11421
 K. CD. 97. 97ZR_E0TB11
 K. CM. 96. 96CM_MP535
 01 AE. CM. 11. 1156_26
 01 AE. CN. 12. DE00112CN011
 01 AE. IR. 10. 10IR_THR48F
 01 AE. JP. 11. DE00111JP003
 01 AE. MM. 14. FKS0DU26
 01 AE. PH. 15. DE00115PH012
 01 AE. SE. 12. 0785E
 01 AE. TH. 10. DE00110TH001
 01 AE. TH. 11. 40436V09_04
 01 AE. TH. 98. CM240
 02 AG. CM. 10. DE00210CM013
 02 AG. DE. 09. 701114
 02 AG. KR. 12. 12MH11_10746
 02 AG. KR. 12. 12MHR9
 02 AG. LR. x. POC44951
 02 AG. NG. 12. 12NG060304
 02 AG. NG. x. IBNG
 02 AG. PK. 15. PK032
 02 AG. SE. 14. 0986N

CACAGAGGGAGCCACCAATGAATGGGACACTAGAGCTTTTAGAGGAGCTTAAGAAATGAAGCTGTAGACATTTTCTAGGATTGG. CTCCATGGCTTAGGGCAACATATCTATGAAACTTATGGGGATACTGGCAGGAGTGGGAACCATATAAAGAATTTCTGCAAC 5755

P Q R E P H N E W T L E L L E E L K N E A V R H F P R I W # L H G L G Q H I Y E T Y G D T W A G V E A I I R I L Q Q

Table containing HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Header includes 'frameshift insert in HXB2', 'Vpr premature end (HXB2 only)', 'Tat exon 1 start Vpr end', and 'ACTGCTGTTTATCCAT...TTTCAGAATTGGGTGTGCACATAGCAGAATAGGCGTACT...CGA...CAGAGGAGA...GCAAGAAATGGAGCAGTAGATCTAGACCTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAACCTGTTT 5896'. The main body consists of multiple rows of sequence alignments for various HIV-1/SIV cpz strains, with columns representing different regions of the genome and a final column for alignment scores.

frameshift insert in HXB2		Vpr premature end (HXB2 only)										Tat exon 1 start Vpr end									
ACTGCTGTTTATCCAT...TTTCAGAATTGGGTGTGCACATAGCAGAATAGGCGTACT...CGA...CAGAGGAGA...GCAAGAAATGGAGCCAGTAGATCCTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAACCTGTTT		F R I G C R H S R I G V T										A R N G A S R S *									
Tat exon 1		L L F I H # F Q N W V S T *										M E P V D P R L E P W K H P G S Q P K T A C									
Vpr	Vpr (frameshifted)																				
02 AG.SN.13.9580	..AT..G.T.....																				
03 AB.RU.97.KAL153.2	..AT..T.....																				
04 cpx.CY.94.94CY032.3	..A..T.....																				
05 DF.BE.x.V11310	G..A..T.....																				
06 cpx.AU.96.BFP90	..A..G.....																				
07 BC.CN.98.98CN009	..A..C.....																				
08 BC.CN.97.97CN032.6F	..T..A.....																				
09 cpx.GH.96.96GH2911	..T..A.....																				
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061	..A..G.....																				
11 cpx.CM.95.95CM.1816	..A..G.....																				
12 BF.AR.99.ARMA159	..A..T.....																				
13 cpx.CM.96.96CM.1849	..A..T.....																				
14 BG.ES.05.X11870	GT..AT.....																				
15 01B.TH.99.99TH.MU2079	..A..G.....																				
16 A2D.KR.97.97KR004	..A..T.....																				
17 BF.AR.99.ARMA038	..A..T.....																				
18 cpx.CU.99.CU76	..A..T.....																				
19 cpx.CU.99.CU7	..A..T.....																				
20 BG.CU.99.CU103	..A..T.....																				
21 A2D.KE.99.KER2003	..T..A.....																				
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY	..T..A.....																				
23 BG.CU.03.CB118	..AT..C.....																				
24 BG.ES.08.X2452.2	..A..C.....																				
25 cpx.CN.02.1918LE	..A..C.....																				
26 ASU.CD.02.02CD.MBT047	..A..G.....																				
27 cpx.FR.04.04CD.FR.K25	..T..A.....																				
28 BF.BR.99.BREPM12609	..A..A.....																				
29 BF.BR.01.BREPM16704	..A..G.....																				
31 BC.BR.04.BR142	..A..G.....																				
32 06AG.EE.01.EE0369	..A..T.....																				
33 01B.ID.07.JKT189.C	..A..G.....																				
34 01B.TH.99.OUR1969P	..A..G.....																				
35 AD.AF.07.169H	..A..T.....																				
36 cpx.CH.00.00CHINYU830	..A..G.....																				
37 cpx.CH.00.00CHINYU926	..T..A.....																				
38 BF1.UY.03.UY03.3389	..C.....																				
39 BF.BR.04.04BRJ179	..T.....																				
40 BF.BR.05.05BRJ055	..A..T.....																				
41 CD.TZ.05.C0657V5	..T.....																				
42 BF.LU.03.LUBF.01.03	..R..A.....																				
43 02G.SA.03.J11223	..A..G.....																				
44 BF.CL.00.CH80	..A..T.....																				
45 cpx.FR.04.04FR.AUK	..A..T.....																				
46 BF.BR.07.07BR.FP5625	..A..T.....																				
47 BF.ES.08.P1942	..T..A.....																				
48 01B.MY.07.07MYKT021	..A..G.....																				
49 cpx.GM.03.N26677	..A..T.....																				
50 A1D.GB.10.12792	..A..G.....																				
51 01B.SG.11.11SG.HM021	..T..A.....																				
52 01B.MY.03.03MYKL018.1	..A..G.....																				
53 01B.MY.10.10MYR164	..A..R.....																				
54 01B.MY.09.09MYS8023	..A..G.....																				
55 01B.CN.10.HNCS102056	..A..T.....																				
56 cpx.FR.10.URFS.patient.A	..T..A.....																				
57 BC.CN.09.09YNLX139sg	..A..G.....																				
58 01B.MY.09.09MYPR37	..A..G.....																				
59 01B.CN.09.09LNA423	..T..A.....																				
60 BC.IT.11.BAV499	..A..G.....																				
61 BC.CN.10.JL100010	..A..T.....																				
62 BC.CN.10.YNFL13	..A..C.....																				
63 BF.AU.10.10RUU6637	..A..G.....																				
64 BC.CN.09.YNFL31	..T..A.....																				
65 cpx.CN.10.YNFL01	..A..G.....																				
67 01B.CN.11.ANHUI.HF115	..A..G.....																				
68 01B.CN.11.ANHUI.WH73	..A..G.....																				
69 01B.JP.05.05JPMYC113SP420G	..A..T.....																				
70 BF1.BR.10.10BR.PE004	..C.....																				
71 BF1.BR.10.10BR.PE008	..A..G.....																				
72 BF1.BR.10.10BR.MG002	..T.....																				
73 BG.DE.01.9196.01	G..AT.....																				
74 01B.MY.10.10MYPR268	..A..A.....																				
77 cpx.MY.10.10MYPR37	..A..G.....																				
78 cpx.CN.13.YNTC19	..A..T.....																				
79 0107.CN.15.SX15DT013	..A..G.....																				
82 cpx.MM.13.mSSDU12	..C.....																				
83 cpx.MM.13.mSSDU94	..C.....																				
85 BC.CN.14.14CN.SCYB2	..T..A.....																				
86 BC.CN.13.13YNS18	..A..C.....																				
87 cpx.CN.12.DH32	..A..T.....																				
88 BC.CN.05.05YNRL25sg	..A..T.....																				
90 BF1.BR.11.BRG06043	..T..A.....																				
0.CM.96.LA51VBF35	G..A..A.....																				
0.CM.96.LA51VBF35	GA..A..A.....																				
0.CM.99.99CMU4122	..A..C.....																				
0.CM.x.pCM02.3	..A..C.....																				
0.ES.01.Read25.HIV.Group0	..T..A.....																				
0.FR.06.RBF206	..A..AT.....																				
0.GA.10.10gab1190	..A..C.....																				
0.GA.11.11gab96352	..A..C.....																				
0.SN.99.99SE.MP1300	C..A..A.....																				
0.US.10.LTNP	..A..C.....																				
N.CM.15.S4858	..T..A.....																				
N.FR.11.N1.FR.2011	..T..A.....																				
P.CM.06.U14788	..T..AA.....																				
P.FR.09.RBF168	..T..AA.....																				
CPZ.TZ.06.TAN5	GCTT..C.....																				
CPZ.US.85.US.Marilyn	..TT.....																				
GOR.CM.12.SIVgor.B01D2	..T..AA.....																				
GOR.CM.13.SIVgor.BP1D15	..T..AA.....																				

Rev exon 1 start

Table with columns for sample ID, sequence alignment, and position. The alignment shows the HIV-1/SIV cpz Complete Genomes aligned to a reference sequence starting at Rev exon 1. The reference sequence is shown at the top, and the sample sequences are listed below with their corresponding positions on the right.

Table with columns: Accession ID, Tat Rev exon 1 end_intron start, Vpu start (ACG in HXB2), Vpu transmembrane domain start, Vpu transmembrane domain end. Rows list various HIV-1/SIV cpz sequences like A1.CD.02.LA01ALPr, A1.CM.08.986_24, etc.

Table showing HIV-1/SIVcpz genome alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2), reference sequence (S_L_S_K_Q), Vpu start (ACG in HXB2), Vpu transmembrane domain start, and sequence alignments with positions (5454-6120).

Env start

B. FR. 83. HXB2 TA.....TTAAGCAAAAGAAAAATAGACAGGTAAATGATAGACAAATAGAAGAGCAGAA...GACAGTGGCAATGAGAGTGAAG.GAGAAATACAGCACTTG...TGGAGATGGGTTGGAGATGGGACCATGCTCCTGGGATG...TTGATGATCT 6306

Vpu I.....L R Q R K I D R L I D R L I E R A E . D S G N E S E # G E I S A L V E M G V E M G H A P W D V D D L L

Env M R V K # E K Y Q H L W R W G V R W G T M L L G M L M I T

A1.CD.02.LA01A1Pr -G.....C-AG-AG-G-C-G-A-A-G.....T-G-C-C-GA-AGT-AT.CAA-AC-T.....G-T-G-A-TT-C.....G-A-A-T- 6314

A1.CM.08.886 24 -G.....C-AG-AG-G-T-A-A-C-A-A-G.....G-T-G-C-GAT-A-T-G.CAAG-C-T.....T-C-A-T-A-T-G-AT.....A-A-A-T-G- 5783

A1.ES.15.189 117 -G.....C-AG-AG-G-T-A-A-C-A-A-G.....T-G-T-C-GAG-A-T-GT.AC-AC-TA.....T-C-G-T-A-T-T.....A-A-A-T-G- 5777

A1.KE.15.DEMA11KE002 -G.....C-AC-G-G-T-A-A-A-A-G.....C-G-C-GAG-A-T-GT.CAA-AC-TA.....T-C-G-T-A-T-G-T.....A-A-A-T- 5680

A1.PK.15.PK034 -G.....G-G-C-G-GA-G-A-G.....C-G-GA-T-C-GAG-A-T-GT.CAAC-C-T.....T-C-A-T-AA-TT-G-TT.....A-A- 5906

A1.RW.11.DEMA11RW002 -G.....A-A-GC-G-A-G-A-G.....A-T-G-T-C-GAG-A-T-AT.G-C-CA-T.....A-T-A-T-G-A.....A-A-A- 5663

A1.SE.13.0785E -G.....C-AG-AG-G-C-G-A-G-G.....A-T-C-C-GA-A-T-AT.CAAC-C-TA.....T-C-A-T-AA-T-G-TT.....A-A- 5520

A11.UG.11.DEMA11UG009 -G.....AG-AG-G-G-A-G-A-G.....T-G-T-C-GAG-A-T-GT.CAAC-C-TA.....TA-C-A-T-A-T-G.....C-A-A- 5666

A2.CM.01.A1CM1445W -G.....AAG-AG-G-T-CA-A-A-GT.....A-T-G-T-C-GAG-A-T-GT.CAAC-C-T.....T-T-T-ATT.....C-A-A-T- 3511

A3.SN.01.DDI579 -G.....C-AG-A-G-G-T-A-A-G.....T-G-T-C-GAG-A-T-AT.CTACC-T.....G-G-TG-TT-CT-T.....A-A-A-T- 5513

A4.CD.97.97CD_KCC2 -G.....AG-AG-G-TT-A-A-G.....A-G-G-T-C-GAG-A-CT.CAACAC-TA.....A-T-A-TT-T-CA.....A-A-A-T- 6305

A6.BY.13.PV85 -G.....C-A-R-A-A-G.....A-C-G-G-TGA-GAG-A-T-AT.CAACAC-TA.....GG-A-T-T-T.....A-A-A-A-G- 5769

A6.IT.02.60800 -G.....C-AG-G-A-A-G.....A-C-G-G-TGA-GAG-A-T-AT.CAACAC-TA.....G-G-T-A-T-T.....A-A-A-G- 6311

A6.RU.11.11RU6950 -G.....C-A-G-G-G-A-G.....A-C-G-G-TGA-GAG-A-T-AT.CAACAC-TA.....C-A-TTG-T-T.....A-A-A-G- 5830

A6.UA.12.DEMA112UA024 -G.....AG-A-G-T-G-A-G.....A-A-C-G-G-T-C-GAG-A-T-AT.CAACAC-TA.....G-G-A-TG-TT-GT.....A-A-A-G- 6330

B.AR.14.DEMB14AR003 -G.....G-C-C-A-A-GC.....G-TCAGGA-A-T-GT.CA-C-C-TA.....A-G-T.....A- 6304

B.BR.10.10BR_MG035 -G.....C-C-A-A-T.....G-TCAGGA-A-T-GT.CA-C-C.....A-G-T.....A- 5798

B.CU.14.14CU005 -G.....G-A-A-G-C.....G-TCAGGA-A-T-AT.CA-CCAC.....T-G.....A- 5517

B.DE.13.366396 -G.....G-T-A-G-G.....G-TCAGGA-A-AT.CA-CAC-T.....C-G-TTC.....A- 5516

B.FR.13.34713 -G.....G-T-CT-A-G-G.....G-TCAGGA-A-T-GT.CA-CAC-T.....C-G-TTC.....A- 5516

B.DO.11.DEMB11DR001 -G.....AG-G-AG-T-A-G.....C-TGAGGAG-GT-GT.CA-AC-TC.....A-G-T.....A- 6271

B.ES.15.100600 -G.....G-G-A-G.....TCA-GAT-A-T-GT.CAA.....T-G-T.....A-C 5725

B.FR.11.DEMB11FR001 -G.....A-G-T-T-A-GA-G.....A-CCAGG.....A-CA-CAC-TA.....T-T.....A- 5539

B.JP.12.DEMB12JP001 -G.....A-G-T-A-A-GT.....G-CCAGGA-A-T-GT.CA-CAC-TA.....A-G-T.....A-A- 5697

B.PH.15.DEMB15PH003 -G.....G-G-C-A-GC.....G-TCAGG.....A-T-G-T-G.....A-A- 5628

B.RU.11.11RU21n -G.....G-AA-C-A-GG.....TCAGG.....AA-CAC-TA.....G-T-G.....A- 5864

B.SE.15.1025E -G.....G-A-G-AA-C-A-GG.....A-T-G-CCATGAG-A-T-GT.CA-TAC-T.....G-AT.....A- 5519

B.TH.10.DEMB10TH002 -G.....G-T-A-C-A-G.....T-TCAGGA-A-T-GT.C-CAC-TA.....A-G-T-T-G-A-A- 5624

B.US.16.2609 -G.....G-T-G-TCAGGA-A-T-AT.CA-CAC.....A-G-T-T.....A-TA 5594

C.BR.11.DEMC11BR035 -G.....G-A-A-A-T-GG.....T-T-C-GAG-A-T-GC.A-ACA.....T-T-T-AGG-T-T.....G-A-T- 5729

C.DI.10.YNFI12 -G.....AC-A-A-T-CA-A-A-TGGG.....G-T-CTGAG-A-T-AT.CAACA.....T-GT-T-AGG-T-T.....A-A-T-GT 5524

C.DR.10.62286 -G.....G-A-G-A-T-C-A-A-T-GG.....G-T-C-CTGAG-A-T-GT.AAACAA.....C-T-AGG-T-T.....A-A- 5516

C.ES.15.100 118 -G.....G-A-A-A-T-GG.....G-T-C-GAG-A-T-GT.AAACAA.....C-T-AGG-T-T.....A-A-T- 5767

C.ET.08.ET104 -G.....G-T-A-A-A-T-GG.....C-G-G-T-C-GAG-A-GT.CA-C.....C-A-T-AGG-T-AT.....C-T-CT- 5527

C.IN.15.NIRTO08 -G.....T-A-A-A-T-GG.....G-T-T-GGA-ACT-AT.CAACAA.....T-A-T-AGG-T-T.....A- 5486

C.MW.09.703010256_CH256_w96 -G.....A-AG-T-A-A-A-T-GG.....T-G-T-C-GAG-A-T-AT.CAACAA.....T-A-T-GC-T.....A-G-T- 6293

C.NP.10.10NP01 -G.....G-C-TT-A-A-A-T-G.....G-C-CTGAG-A-T-AT.CCACA.....T-T-T-AGG-T-T.....G-A- 5651

C.NP.11.11NP016 -G.....G-C-TT-A-A-A-T-G.....G-C-CTGAG-A-T-AT.CCACA.....T-T-T-AGG-T-T.....G-A- 5474

C.PK.14.DEMC14PK009 -G.....G-A-G-GA-T-GG.....G-T-TGAG-A-T-G.....CCACAGA.....T-ATA-T-AGG-T-T.....G-A- 5729

C.SE.15.100ET -G.....G-G-AG-G-T-A-A-T-GG.....A-T-G-C-GAG-A-T-GT.CAACAA.....T-A-T-AGG-T-T.....C-A-CT- 5526

C.TZ.08.707010457_CH457_w8 -G.....C-G-A-GG-T-A-A-A-T-GG.....A-T-T-TGAG-A-G-G.AAACAT.....T-A-T-AGG-T-T.....AT-A-TA 6308

C.US.14.M018v1d14_5M04_C5 -G.....G-A-A-A-T-GG.....T-G-TGAG-AGT-GT.CAACAA.....T-A-T-AGG-T-T.....C-A- 5632

C.ZA.13.DEMC13ZA152 -G.....G-A-A-A-T-GG.....T-G-TGAG-A-T-AT.CAACAA.....T-T-T-AGG-T-T.....A-T- 6091

C.ZM.11.DEMC11ZM006 -G.....C-A-AG-T-G-A-G-T-GG.....T-G-T-TGAG-A-AT.CCACAA.....T-T-T-AGG-T-T.....G-A-GT- 5673

D.BR.10.10BR_RJ095 -G.....AG-AG-TAT-A-A-G.....T-G-C-C-GAG-A-T-GT.CA-CAC-T.....C-T-T.....A- 5756

D.CD.03.LA17MuBo -G.....AAG-G-A-CA-CA.....G-G-C-GGGAG-A-T-AT.CAACAC-T.....A-T-TTGC.....C- 6330

D.CM.10.DEMD10CM009 -G.....CAG-AG-C-A-G-A.....C-G-G-T-A-GAG-A-T-AT.CAACAC-T.....C-T.....AT-TTGC.....C- 5680

D.CY.06.CY163 -G.....AA-G-T-C-C-A-GG.....G-G-T-A-GAG-A-AT.CAC-AC-TA.....A-TTGC.....CA- 5513

D.KE.11.DEMD11KE003 -G.....AG-G-T-TA-A-G.....T-G-TGA-GAG-A-T-AT.CAACAC-T.....G-T-T.....A-A- 5651

D.ME.08.077UG -G.....AG-G-G-T-A-A-A-A.....A-T-T-G-A-C.....G-T-T-AGG-A-T.....G-A- 5516

D.TZ.04.C06405V4 -G.....AG-TT-A-G.....T-G-TGA-GAG-A-T-GT.CAA-AC-TA.....AGG-T-T.....A-A- 5516

D.UG.10.DEMD10UG004 -G.....AG-G-A-G-T-A-A-A-G.....T-TGA-GA-A-T-AT.CAA-AT-CA.....T-T.....A-A- 5640

D.UG.11.DEMD11UG003 -G.....AA-G-G-A-A-A-GC.....T-G-T-G-GA-A-T-AT.C-CAC-T.....G-T.....G-C.....G-CA- 5654

D.YE.02.02YE516 -G.....AGG-G-CA-C-A-G.....G-G-TGA-GAG-A-T-AT.CAACAC-TA.....A-GC.....A-TTGC.....C- 5516

F1.A0.06.A0_06_ANG32 -G.....G-AG-A-G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-AC-T.....G-AG.....CTTT-AT.....G-G-A-A- 5524

F1.AR.02.ARE933 -G.....G-A-G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-AC-T.....G-A.....CTTT-AT.....G-A- 5606

F1.BR.11.DEMF11BR037 -G.....AG-AG-G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GA-A-T-G.....CA-AC-T.....G-A.....CTTT-CT.....G-A-A- 5816

F1.CY.08.CY222 -G.....A-G-A-T-TA-A-A-A-G.....C-G-T-CGC-GAG-A-G.....CA-CAC-T.....G-G.....CTTT-AT.....G-A- 5502

F1.ES.11.VA0053_nfl -G.....G-G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CC-TC.....G-G.....CTTT-AT.....G-A-A- 5730

F1.FR.04.LA22LeRe -G.....G-G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-CA-T.....G-A.....CTTT-AT.....G-A-A- 6192

F1.F.03.LA20U1C -G.....G-G-A-T-TA-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-CAT.....G-A.....CTTT-AT.....G-A- 5771

F1.RU.08.D88 845 -G.....G-A-T-TA-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-CAC-T.....G-A.....CTTT-T.....G-A- 5771

F2.CM.10.DEMF210CM007 -G.....G-A-G-A-TA-A-A-GG-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-CAC-T.....G-A.....CTTT-AT.....G-A-A- 5651

F2.CM.11.DEURF11CM026 -G.....G-G-A-G-CA-TT-T-A-GG-TG.....G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-CAC-T.....G-AG.....CTTT-T.....G-A-C- 5628

G.CD.03.LA23Lied -G.....AG-A-G-A-A-A-G.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CAACAC-TA.....A-G-TT-A.....T-G- 6324

G.CM.08.789 10 -G.....AG-A-G-A-C-A-AC-C-A-G.....T-T-C-GAG-AGT-G.....CA-AC-T.....A-G-TT-A-G.....T-G- 5772

G.CM.10.DEMG10CM008 -G.....AG-A-G-AC-T-A-C-A-G.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CA-CAC-T.....CG-G-TT-A-T.....AT- 5693

G.CN.08.GX_2084_08 -G.....AG-G-A-G-T-A-A-C-A-GG.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CAACAC-T.....T-G-TT-A-T.....T- 5772

G.CN.16.2246X -G.....AG-G-A-G-A-C-A-GG.....T-T-A-A-A-G.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CAACAC-T.....TG-T-GTT-A.....T- 5534

G.ES.14.EUR_0033 -G.....AG-A-G-A-C-A-C-A-G.....T-T-A-A-A.....G-C-C-GAT-A-T-G.....CAACCC-T.....A-G-TT-A.....T- 5728

G.GW.08.LA57LmNe -G.....AA-AG-G-AG-C-A-A-G.....G-C-C-GAT-A-T-G.....CAACCC-T.....A-G-TT-A.....T- 6329

G.KE.09.DEMG09KE001 -G.....AG-A-G-G-T-TA-A-A-G.....T-TGA-GAG-A-T-G.....CAAC-C-T.....GA-G.....GCTT-A.....T- 5688

G.NG.12.12NG606049 -G.....AG-A-G-A-G-T-C-A-A-CA.....G-T-T-C-GAG-A-T-G.....CAACAC-T.....C-T-G-TT-AG.....T- 5508

H.CD.04.LA19KoS5a -G.....G-AG-AG-G-T-AA-A-A-G.....T-TGC-GAG-A-T-AT.CCA-AC-T.....A-G.....CT-A-T.....A- 6339

H.F.02.LA25LeR1 -G.....G-AG-G-A-G-CC-A-A-G.....T-TGC-GAG-A-T-AT.CCA-AC-T.....A-G.....CC-C-T.....A- 6330

J.CD.03.LA26D1An -G.....G-G-C-T-A-GC-A-A-G.....T-C-C-GAT-A-T-GT.CAA-AC-T.....T-T.....A-T-G-A.....C- 6135

J.CM.04.04CMU11421 -G.....G-G-G-T-A-R-A-A-G-R-A-G.....T-C-C-GAG-AGT-G.....CAA-AC-T.....A-CT-A-T.....A- 5817

K.CD.97.97ZT_EQT811 -G.....G-A-G-A-T-T-T-A-G.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CA-CAC-T.....G-A-C.....T-T-AT-T-G.....A-A- 5501

K.CM.96.96CM_MP535 -G.....G-A-A-G-A-T-T-A-A-G.....T-G-TGC-GAG-A-T-G.....CA-C-T.....G-AC.....T-T-AT-T-G-A-A- 5505

01.AE.CM.11.1156 26 -G.....C-AG-G-T-A-G-A-G-A-G.....A-A-A.....G-C-C-GAT-A-T-G.....CTACAC-T.....A-G-TT-A-A.....T- 5655

01.AE.CN.12.DE00112CN011 -G.....C-G-G-A-A-G-A-G.....A-A.....C-C-GATAA-T-G.....CCA-AC-T.....A-A-TT-A-A.....T- 5616

01.AE.IR.10.101R_THR48F -G.....C-AT-G-A-G-A-G-A-GT.....A-A-A.....C-C-GAG-A-T-G.....CTA-AC.....A-G-TT-A.....T- 5496

01.AE.JP.11.DE00111JP003 -G.....C-AG-R-T-G-A-A-A-G.....A-A-A.....C-C-GAT-A-T-G.....CCA-AC-T.....A-A-TT-A.....T- 5709

01.AE.MM.14.FKSDU26 -G.....C-G-R-T-G-A-R-A-GR.....A-A-A.....C-C-YRGAT-AGT-G.....CCA-AC-T.....A-A-TT-A.....T- 5490

01.AE.PH.15.DE00115PH012 -G.....C-G-A-A-G.....T-T-A-A-A.....C-C-GAT-ATT-G.....CGA-AC-T.....A-G-TT-A.....T- 6246

01.AE.SE.12.0785E -G.....G-G-T-G-A-G-A-GT.....A-A-A.....G-C-C-GAT-AGT-G.....CCA-AC-T.....A-G-TT-A.....T- 5484

01.AE.TH.10.DE00110TH001 -G.....AG-G-T-C-A-A-G.....G-C-C-GAT-A-T-G.....CCA-AC-T.....A-G-TT-A.....T- 5603

01.AE.TH.11.40436V09_04 -G.....C-A-A-A-A-A-C-GT.....T-T-C-GAG-A-T-G.....CCA-AC-T.....A-G-TT-A.....T- 5500

01.AE.TH.98.CM240 -G.....ANG-A-G-AG-G-A-G.....T-TGA-GAG-A-T-GT.CCA-AC-T.....A-TG-TT-A-T.....T-G-A-A- 5874

02.AG.CM.10.CM0210CM013 -G.....AG-A-G-AG-T-A-A-G.....T-TGA-GAG-A-T-GT.CCA-AC-T.....T-G-TT-A-T.....T-A-A- 5702

02.AG.DE.09.701114 -G.....AG-A-G-AG-T-C-A-A-G.....T-T-G-T-C-GAG-A-T-AT.CCACCC-TA.....TT-G-AA-AT-T.....A-A- 5523

02.AG.KR.12.12MHI11_10746 -G.....AGG-A-G-AG-A-G.....T-T-C-GAG-A-GT.CTACT-TA.....T-TG-AA-AT-T.....A-A-A- 5976

02.AG.KR.12.12MHR9 -G.....AGG-A-G-G-AG-A-G.....AGG-A-G-G-GA-G.....T-T-C-GA-A-T-AT.CCACT-TA.....G-T-A-AT-T.....A-A- 5971

02.AG.LR.x.POC4951 -G.....AG-A-G-AG-C-T-A-C-A-G.....T-T-C-GA-A-T-AT.CCACT-TA.....T-T-G.....A-AT-T.....A-A- 6304

02.AG.NG.12.2NG0606304 -G.....AAG-A-A-A-G.....A-AT-A-AT-GAG-A-T-G.....CCACAC-T.....T-CTGCA-T.....G-A- 5512

02.AG.x.IBNC -G.....AGG-A-G-AG-A-A-G.....T-T-C-GA-T-AT.CCACT-TA.....T-G-ATA-AT.....A-A- 5836

02.AG.PK.15.PK032 -G.....AGG-A-G-AG-A-C-A-G.....T-T-T-C-GA-A-T-AT.ACACCC-TA.....G-TG-AA-GTGG-A.....A-AT- 5874

02.AG.SE.14.098GN -G.....AGG-A-GGAT-G-A-A-C-G-A-G.....T-T-T-C-GA-AGT-GT.CCACT-TA.....G-TG-AA-AT-T.....A-A- 5498

Vpu end
Env signal peptide end Env gp120 start

```

GT.....AGTGCTACA.....GAAAAATTGGGGTACAGCTATTATG...GTACCTGTGGGAAGGAAGCAACCACCCTATTTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTCACATAATGTTGGCCACACAT 6440
C-----S A T-----E K L W V T V Y Y G-----V P V W K E A T T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V W A T H
A1.CD.02.LA01A1Pr.....-A-----GCC-----G-----C-----A-----T-----GTG-----C-----C-----A-----A-----G-----6445
A1.CM.08.886_24.....-T-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----GAG-----CT-----C-----C-----6446
A1.ES.15.189_117.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6447
A1.KE.15.DEMA111KE002.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6448
A1.PK.15.PK034.....-ACA-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6449
A1.RW.11.DEMA111RW002.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6450
A1.SE.13.0785E.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6451
A1.UG.11.DEMA1110UG009.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6452
A2.CM.01.01CM1445MV.....-AG-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6453
A3.SN.01.DDI579.....-AA-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6454
A4.CD.97.97CD_KCC2.....-G-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6455
A6.BY.13.PV85.....-AG-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6456
A6.IT.02.60000.....-AG-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6457
A6.RU.11.11RU6950.....-AG-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6458
A6.UA.12.DEMA112UA024.....-AG-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6459
B.AR.14.DEMB14AR003.....-G-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6460
B.BR.10.10BR_MG035.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6461
B.CU.14.14CU005.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6462
B.DE.13.366396.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6463
B.DO.11.DEMB11DR001.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6464
B.ES.15.100600.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6465
B.FR.11.DEMB11FR001.....-GT-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6466
B.JP.12.DEMB12JP001.....-GT-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6467
B.PH.15.DEMB15PH003.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6468
B.RU.11.11RU21n.....-G-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6469
B.SE.15.1025E.....-G-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6470
B.TH.10.DEMB10TH002.....-G-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6471
B.US.16.2609.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----GAG-----CT-----C-----C-----6472
C.BR.11.DEMC11BR035.....A-----A-----TA-----TG-----GG-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----6473
C.DN.10.YNFI19.....-A-----TG-----GG-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----6474
C.ES.15.100_118.....A-----A-----TA-----GG-----GG-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6475
C.ET.08.ET104.....-A-----TA-----TG-----GG-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6476
C.IN.15.NIRT008.....-C-----IN-----TA-----GG-----GG-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6477
C.MW.09.703010256_CH256.w96.....C-----M-----TA-----GG-----GG-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6478
C.NP.11.11NP016.....A-----A-----TA-----TG-----GG-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6479
C.PK.14.DEMC14PK009.....-A-----TA-----TG-----GG-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6480
C.SE.15.100ET.....-A-----TA-----TG-----GG-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6481
C.TZ.08.707010457_CH457.w8.....C-----T-----Z-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6482
C.US.14.M018v1d14_5M04_C5.....A-----A-----TA-----TG-----GG-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6483
C.ZA.13.DEMC13ZA152.....-A-----TA-----TG-----GG-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6484
C.ZM.11.DEMC11ZM006.....-TA-----GG-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----6485
D.BR.10.10BR_RJ095.....-A-----G-----G-----A-----GG-----T-----T-----A-----A-----CT-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----T-----6486
D.CD.03.LA17MuBo.....-A-----A-----AG-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6487
D.CM.10.DEMD10CM009.....A-----A-----AG-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6488
D.CY.06.CY163.....-A-----AG-----T-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6489
D.KE.11.DEMD11KE003.....-A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6490
D.SE.11.087JUG.....-A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6491
D.TZ.04.C06405v4.....-T-----G-----A-----CG-----TC-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6492
D.UG.10.DEMD10UG004.....-T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6493
D.UG.11.DEMD11UG003.....A-----T-----GG-----C-----C-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6494
D.YE.02.02YE516.....-A-----AG-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6495
F1.A0.06.A0_06_ANG32.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6496
F1.AR.02.ARE933.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6497
F1.BR.11.DEMF11BR037.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6498
F1.CY.08.CY222.....-AG-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6499
F1.ES.11.VA0053_nfl.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6500
F1.FR.04.LA22LeRe.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6501
F1.R0.03.LA20uCl.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6502
F1.RU.08.D88_845.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6503
F2.CM.10.DEMF210CM007.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6504
F2.CM.11.DEURF11CM026.....-A-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6505
G.CD.03.LA23LiEd.....-CT-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----AT-----C-----T-----AG-----T-----AAGC-----C-----T-----6506
G.CM.08.789_10.....-CT-----T-----C-----GGC-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----AT-----C-----T-----AG-----T-----AAGT-----C-----T-----6507
G.CM.10.DEMG10CM008.....-A-----CT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAG-----C-----T-----6508
G.CN.08.GX_2084_08.....-A-----CT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----6509
G.CN.16.224GX.....-A-----CT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----6510
G.ES.14.EUR_0033.....-CT-----AG-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAGC-----C-----T-----6511
G.GW.08.LA57LmMe.....-A-----CT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAG-----C-----T-----6512
G.KE.09.DEMG09KE001.....-CT-----ATT-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAA-----C-----T-----6513
G.NG.12.12NG060409.....-A-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----GAT-----C-----T-----AG-----T-----AAG-----C-----T-----6514
H.CD.04.LA19KoSa.....-A-----A-----GA-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6515
H.CF.02.LA25LeR1.....-A-----T-----GT-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6516
J.CD.03.LA26Dian.....-A-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6517
J.CM.04.04CMU11421.....-AA-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6518
K.CD.97.97ZR_EQT811.....-C-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6519
K.CM.96.96CM_MP535.....-CAA-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----6520
01.AE.CM.11.1156_26.....-C-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6521
01.AE.CN.12.DE0012CN011.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6522
01.AE.IR.10.101R_THR48F.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6523
01.AE.JP.11.DE0011JP003.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6524
01.AE.MM.14.FKSDU26.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6525
01.AE.PH.15.DE0015PH012.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6526
01.AE.SE.12.0785E.....-A-----CT-----T-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6527
01.AE.TH.10.DE00110TH001.....-A-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6528
01.AE.TH.11.40436v09_04.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6529
01.AE.TH.90.CM240.....-CT-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6530
02.AG.CM.10.DEM0210CM013.....-A-----CT-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6531
02.AG.DE.09.701114.....-A-----A-----C-----GA-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6532
02.AG.KR.12.12MH11_10746.....-A-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6533
02.AG.LR.12.12MHR9.....-A-----A-----A-----TA-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6534
02.AG.LR.x.POC4495.....-A-----A-----A-----TA-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6535
02.AG.NG.12.2NG0606304.....-A-----A-----A-----TA-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6536
02.AG.NG.x.IBNC.....-G-----ATAATTT-----AA-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6537
02.AG.PK.15.PK032.....-G-----ATAATTT-----AA-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6538
02.AG.SE.14.098GN.....-AA-----A-----A-----T-----T-----GA-----C-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----GT-----A-----G-----C-----T-----6539

```


Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.CD.02.LA01ALPr) and sequence alignments. The alignment shows conserved regions with gaps represented by dashes. A reference sequence is shown at the top: GCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTG...GTAATGTGACAGAAAAATTTAACATGTGGAAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCAAGCCTAAAGCCATGTGAAAAATTAACC...

Table of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence position (1-6606), consensus sequence (ACVPTDPNPQEVLVNVTFENFMWKNMDMVEQMHEDEIISLWDQSLKPCVCLKLT#PLLCV), and accession numbers (e.g., 02 AG.SN.13.9580, 03 AB.RU.97.KAL153.2, etc.).

B. FR. 83. HXB2
 Env
 02 AG. SN. 13. 9580
 03 AB. RU. 94. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. X. V1. 110
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 07 BC. CN. 98. 98-GC-N009
 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ18F01
 11 cpx. FR. 95. 95CDN 1816
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 91B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 AZD. KR. 97. 97KR001
 17 BF. AR. 99. ARMA038
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU193
 21 AZD. KT. 99. AKR2903
 22 91AI. CM. 01. 91CM 0001BBY
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 021918L
 26 ASU. CD. 02. 02CD MHTB047
 27 BR. BR. 04. 04BRF 179
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 96AG. EE. 01. EE0369
 33 91B. ID. 07. 91BR01 C
 34 91B. TH. 99. 99TH1969P
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 39 BF. UY. 03. UY19 3389
 40 BF. BR. 04. 04BRF 179
 46 BF. BR. 05. 05BRF1055
 41 CD. TZ. 05. C06577V5
 42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
 43 92G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 91B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. CM. 03. M2677
 50 AID. GB. 10. 10792
 51 91B. SG. 11. 11SG HM021
 52 91B. MY. 03. 03MYK1018 1
 53 91B. MY. 11. 11FJR164
 54 91B. MY. 09. 09MYSR023
 55 91B. MY. 09. 09MYSR0256
 56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
 58 91B. MY. 09. 09MYPR37
 59 91B. CN. 09. 09LNA423
 60 BF. IT. 11. 11BF0499
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNLF13
 63 92A. RU. 10. 10RU6637
 64 BC. CN. 09. YNLF131
 65 cpx. CN. 10. YNLF101
 67 91B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 91B. CN. 11. ANHUI WH73
 69 91B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
 72 BF1. BR. 10. 10BR N002
 73 BG. DE. 01. 9196 01
 74 91B. MY. 10. 10MYPR268
 77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
 78 cpx. CN. 13. YNLT01
 79 9197. CN. 10. SX15DT013
 82 cpx. MM. 13. mSSDU11
 83 cpx. MM. 13. mSSDU94
 85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
 86 BC. CN. 13. 13YNHS18
 87 cpx. CN. 12. DH32
 88 91AR. CT. 05. 95YNRL25sg
 90 BF1. BR. 11. BRG06043
 0. CM. 96. LA51YBF35
 0. CM. 96. LA52YBF39
 0. CM. 99. 99CHU4122
 0. ES. 01. Read25_HIV_Group0
 0. FR. 96. RBF206
 0. GA. 10. 10GAb1190
 0. GA. 11. 11GAb6352
 0. SN. 99. 99S5 MP1300
 0. US. 10. L1NP
 N. CM. 15. S4858
 N. FR. 11. N1 FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. TZ. 06. TAN5
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
 GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

V1 loop start V1 loop end V2 loop start
 GTTTAAAGTCACCTGATTGAAGAATGATACTAATACC.....AATAGT.....AGTAGCGGGAGAAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAAAGCTCTTTTCAATCAGCACA 6713
 S L K C T D L K N D T N T N S S S G R M I M E K G E I K N C S F N I S T
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6082
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5917
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6068
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5977
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6779
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6041
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5883
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5912
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6115
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6726
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6114
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6210
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6094
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5905
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5923
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6010
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5872
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6162
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5907
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6188
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6162
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5930
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6791
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6706
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6087
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6131
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6178
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6369
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6029
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5924
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5928
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5916
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5907
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6193
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6234
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5941
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6260
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6229
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6675
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6137
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5924
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6158
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6104
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5919
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6036
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6059
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6114
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6014
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6058
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5905
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6097
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5900
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6077
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6100
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6017
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6230
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6069
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6098
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6059
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6041
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6076
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6168
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6210
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6208
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6230
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6025
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5948
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5906
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6105
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5836
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5894
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6057
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5824
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6092
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5920
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6118
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6777
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6740
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6179
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6788
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6165
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6763
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5938
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 5929
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6768
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6630
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6223
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6085
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6226
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6772
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6841
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6763
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6245
 C - T - T - G - GCCT - CC - ATGG - AC - .. ATG - C - AACCGTGT - TCC - GACAT - .. G - A - .. G - C - T - .. 6100

Table with columns for accession numbers, protein names (Env), and amino acid sequences. The sequences are aligned, with gaps indicated by dashes. The table is divided into three main sections: B. FR. 83. HXB2, B. BR. 10. 10BR M035, and B. US. 16. 2609.

B. FR. 83. HXB2

Env
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. VI. 1310
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 C. TZ. 96. 96TZ BF011
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02ASU MBT047
27 cpX. FR. 05. 95CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 96AG. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. IY. 03. IY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR1379
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpX. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 1792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10CN102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09YLNMA423
60 01B. IT. 11. 81499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpX. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420-NT
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNB090
78 cpX. CN. 13. YNCT
79 0107. CN. 13. X1351BT013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNHS18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 A. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. M. pCM02 7036
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table with 20 columns (N, T, S, V, I, T, Q, A, C, P, K, V, S, F, E, P, I, P, I, H, Y, C, A, P, A, G, F, A, I, L, K, C, N, N, K, T, F, N, G, T, G, P, C, T, N, V, S, T, V, Q, C, T, H, G, I, R, P) and 1000 rows of nucleotide sequence data.

Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence	Accession	Sequence																																																																																																																																																						
B.FR.83.HXB2	AGTAGTATCAACTCACTGTGCTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAA...	A1.CD.02.LA01A1Pr	Env	A1.CM.08.886.24	Env	A1.ES.15.180.117	Env	A1.KE.11.DEM111KE002	Env	A1.PK.15.PK834	Env	A1.RW.11.DEMA111RW002	Env	A1.SE.13.0785E	Env	A1.UG.11.DEMA110UG009	Env	A2.CM.01.01CM.1445MV	Env	A3.SN.01.DDI579	Env	A4.CD.97.97CD.KCC2	Env	A6.BY.13.PV85	Env	A6.IT.02.60800	Env	A6.RU.11.11RU0950	Env	A6.UA.12.DEMA112UA024	Env	B.AR.14.DEMB14AR003	Env	B.BR.10.10BR.MG035	Env	B.CU.14.14CU005	Env	B.DE.13.366396	Env	B.DR.13.947915	Env	B.DO.11.DEMB11DR001	Env	B.ES.15.100600	Env	B.FR.11.DEMB11FR001	Env	B.JP.12.DEMB12JP001	Env	B.PH.15.DEMB15PH003	Env	B.RU.11.11RU024	Env	B.SE.15.1025E	Env	B.TH.10.DEMB10TH002	Env	B.US.16.2609	Env	C.BR.11.DEMC11BR035	Env	C.CN.10.YNFL19	Env	C.DE.10.622166	Env	C.FR.15.108128	Env	C.ET.08.ET104	Env	C.IN.15.NIRT008	Env	C.MW.09.703010256.CH256.W96	Env	C.NG.10.10NG620523	Env	C.NP.11.11NP103	Env	C.PK.14.DEMC14PK009	Env	C.SE.15.100ET	Env	C.TZ.08.707010457.CH457.W8	Env	C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5	Env	C.ZA.13.DEMC13ZA152	Env	C.ZM.11.DEMC11ZM006	Env	D.BR.10.10BR.RJ095	Env	D.CD.03.LA17M00	Env	D.CM.10.DEMD10CM009	Env	D.CY.06.CY163	Env	D.KE.11.DEMD11KE003	Env	D.RZ.12.077UG	Env	D.TZ.04.06405V4	Env	D.UG.10.DEMD10UG004	Env	D.UG.11.DEMD11UG003	Env	D.YE.02.02YE516	Env	F1.A0.06.A0.06.ANG32	Env	F1.AR.02.ARE933	Env	F1.BR.11.DEMF11BR037	Env	F1.CY.08.CY222	Env	F1.ES.11.VA0053.nfl	Env	F1.FR.04.LA22LeRe	Env	F1.R0.03.LA20DUCL	Env	F1.RU.08.083.845	Env	F2.CM.10.DEMF210CM007	Env	F2.CM.11.DEURF11CM026	Env	G.CD.03.LA231eD	Env	G.CM.08.789.10	Env	G.CM.10.DEMG10CM008	Env	G.CN.08.GX.2084.08	Env	G.CN.16.224GX	Env	G.ES.14.EUR.0033	Env	G.GW.08.LA57LmNe	Env	G.KE.09.DEMG09KE001	Env	G.NG.12.12NG060409	Env	H.CD.04.LA19KoSa	Env	H.CF.02.LA25LeM1	Env	J.CD.03.LA26D1An	Env	J.CM.04.04CMU11421	Env	K.CD.97.97CD.EQ711	Env	K.CM.96.96CM.HF535	Env	01.AE.CM.11.1156.26	Env	01.AE.CN.12.DE00112CN011	Env	01.AE.IR.10.10IR.THR48F	Env	01.AE.JP.11.DE00111JP003	Env	01.AE.MM.14.FKSDU26	Env	01.AE.PH.15.DE00115PH012	Env	01.AE.SE.12.0785E	Env	01.AE.TH.10.DE00110TH001	Env	01.AE.TH.11.40436v09.04	Env	01.AE.TH.90.CM240	Env	02.AG.CM.10.DE00210CM013	Env	02.AG.DE.09.701114	Env	02.AG.KR.12.12MH11.10746	Env	02.AG.KR.12.12MHR9	Env	02.AG.LR.x.POC44951	Env	02.AG.NG.12.12NG060304	Env	02.AG.NG.x.IB032	Env	02.AG.PK.15.PK832	Env	02.AG.SE.14.0986N	Env

V3 loop start

V3 loop end

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.CD.02.LA01ALPr), sequence alignments, and accession numbers. The alignment shows conserved regions across various HIV-1 and SIV cpz strains, with gaps (---) indicating missing or divergent sequences.

B. FR. 83. HXB2
Env
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. X. V1 210
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CN6X 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR09 C
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KR2903
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 0223 MBT047
27 cpx. FR. 05. 95CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UYR3 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ3179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. C480
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FFS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. N26677
50 AID. GB. 10. 7792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 18. 18CN102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 01B. IT. 11. 09V499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420.
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR PE002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpx. CN. 13. YNT0
79 0107. CN. 13. SX15BT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNHS18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CN. 96. LA51YBF35
0. CN. 96. LA52YBF39
0. CN. 99. 99CMU4122
0. CN. X. CCM02
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10Gabl190
0. GA. 11. 11Gabl6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilynn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Multiple sequence alignment of HIV-1 Env protein regions, including AATAATAAA, ACA, AATACTTTAAG, and CAATCCTCAGGAGGGGACCCAGAATAATGTAACCCACAGTTTAAATGTGGAGGGGAA. The alignment shows conserved and variable regions across various HIV-1 strains. Key motifs like 'CAATCCTCAGGAGGGGACCCAGAATAATGTAACCCACAGTTTAAATGTGGAGGGGAA' and 'TATTCTACTGTAATTCAACCAACAGTGTTAATAGTA 7404' are visible. The alignment is presented in a standard format with gaps and amino acid residues.

Antisense Protein end
V4 loop start

B. FR. 83. HXB2
Env
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. V1. 1910
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 TZ. 96. 96T1910
11 cpx. FR. 95. 95CFR 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KRZ009
22 01AI. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 05. 05CFR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 96AG. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. 07ID018 C
34 01B. TH. 99. 01BTH969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UY19 3389
39 BF. BR. 04. 04BR3179
40 BF. BR. 05. 05BRBR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FFS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKOL18 1
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. 10CN102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09YLNAA423
60 IT. 11. 11IT01
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFI 01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC
79 0107. CN. 10. SX15BT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNSH18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. X. CM02
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B01D2
GOR. CM. 13. SIVgor BP1D15

Table with 5 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (K A M Y A P P I S G G O I R C S S N I T G L L L T R D G G N S), V5 start, V5 end, and a numerical column (7053-7083). The table contains multiple rows of sequence data for various HIV-1 strains.

Rev Responsive Element (RRE) region Env gp120 end_Env gp41 start

Table showing HIV-1/SIV cpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence regions (Rev Responsive Element (RRE) region, Env gp120 end_Env gp41 start) and a reference sequence (TGAATTATATAAATATAAGTAGTAAA... CAGAGAGAAAAAGCA... GTGGGA... ATAGGAGCTTTGTTCCCTTGGGTTCTTGGGAGCAGCAAGAACTACTA). Rows list various HIV-1/SIV cpz Complete Genomes accessions (e.g., A1.CD.02.LA01ALPr, A1.CM.08.886 24, etc.) and their corresponding nucleotide sequences aligned with the reference.

B. FR. 83. HXB2
Env
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 OF. BE. X. VI. 110
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpx. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR09 C
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KR. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 96AG. EE. 01. EE0369
33 A. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR1379
40 BF. BR. 05. 05BRR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 1792
51 01B. SG. 11. 115G HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 18. 18CN102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 A. IT. 11. 8AV09
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR PE002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNT0
79 0107. CN. 15. SXL5DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
O. CM. 96. LA51YBF35
O. CM. 96. LA52YBF39
O. CM. 99. 99CMU4122
O. GA. CMO0 2
O. ES. 01. Read25 HIV_Group0
O. FR. 06. RBF206
O. GA. 10. 10GAb1190
O. GA. 11. 11GAb6352
O. SI. 99. 99S5 MP1300
O. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table with columns for sequence alignment and positions. Header: TGGCGCAGCCTCAATGACGCTGACGGCTACAGCCAGACAAATTATTGTCTGGTATAGTCAGCAGCAGCAAAATTGCTGAGGGCTATTGAGGGCGCAACAGCATCTGTTGCAACTCACAGTCTGGGGCATCAGCAGCTCCAGGCAAGAATCTCGGTGTGGAAAGATAC 7982. Rows correspond to the sequences listed on the left.

B. FR. 83. HBX2 Env 02 AG. SN. 13. 9580 03 AB. RU. 97. KAL153 2 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3 95 DF. BE. v. VI. 1310 06 cpx. AU. 96. BFP90 07 BC. CN. 98. 98CN009 08 BC. CN. 97. 97CNX 6F 09 cpx. GH. 96. 96GH2911 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF051 11 cpx. CN. 95. 95CN 1816 12 BF. AR. 99. ARMA159 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849 14 BG. ES. 05. X1870 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 16 AZD. KR. 97. 97KR09 17 BF. AR. 99. ARMA038 18 cpx. CU. 99. CU76 19 cpx. CU. 99. CU7 20 BG. CU. 99. CU103 21 AZD. KR. 99. KRZ09 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY 23 BG. CU. 03. CB118 24 BG. ES. 08. X2456 2 25 cpx. CM. 02. 1918L 26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047 27 BF. BR. 04. 04BR3179 28 BF. BR. 99. BREPM12609 29 BF. BR. 01. BREPM16704 31 BC. BR. 04. 04BR142 32 06AG. FE. 01. EE0369 33 01B. ID. 07. 07ID189 C 34 01B. TH. 99. OUR1969P 35 AD. AF. 07. 169H 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926 38 BF. UY. 03. UY03 3389 39 BF. BR. 04. 04BR3179 40 BF. BR. 05. 05BRJ055 41 CD. TZ. 05. C06577V5 42 BF. LU. 03. LuBF 01 03 43 02G. SA. 03. J11223 44 BF. CL. 00. CH80 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625 47 BF. ES. 08. P1942 48 01B. MY. 07. 07MYKT021 49 cpx. CM. 03. M26677 50 AID. GB. 10. 12792 51 01B. SG. 11. 11SG HM021 52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1 53 01B. MY. 11. 11IFR164 54 01B. MY. 09. 09MYSB023 55 01B. CN. 10. 10CN102056 56 cpx. FR. 10. URF5 patient A 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg 58 01B. MY. 09. 09MYPR37 59 01B. CN. 09. 09LNA423 60 01B. IT. 11. 11IT0499 61 BC. CN. 10. J1100010 62 BC. CN. 10. YNFL13 63 02A. RU. 10. 10RU06637 64 BC. CN. 09. YNFL31 65 cpx. CN. 10. YNFL01 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73 69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004 71 BF1. BR. 10. 10BR PE005 72 BF1. BR. 10. 10BR PE002 73 BG. DE. 01. 9196 01 74 01B. MY. 10. 10MYPR268 77 cpx. MY. 14. 14MYNB090 78 cpx. CN. 13. YNTC 79 0107. CN. 13. 13X15BT013 82 cpx. MM. 13. mSSDU12 83 cpx. MM. 13. mSSDU94 85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2 86 BC. CN. 13. 13YNHS18 87 cpx. CN. 12. DH32 88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg 90 BF1. BR. 11. BRG06043 0. CM. 96. LA51YBF35 0. CM. 96. LA52YBF39 0. CM. 99. 99CMU4122 0. CM. X. 0CM0 0. ES. 01. Read25 HIV_Group0 0. FR. 06. RBF206 0. GA. 10. 10GAb1190 0. GA. 11. 11GAb6352 0. SN. 99. 99SE MP1300 0. US. 10. L1NP N. CM. 15. S4858 N. FR. 11. N1 FR 2011 P. CM. 06. U14788 P. FR. 09. RBF168 CPZ. TZ. 06. TAN5 CPZ. US. 85. US Marilynn GOR. CM. 12. SIVgor BQID2 GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table with columns for sequence alignment and accession numbers. Headers include 'RRE end', 'TCTCTGGAAACAGATTGGAACTCACAGCC 8105', and 'S L E Q I W N H T T'. The table contains multiple rows of nucleotide sequences (A, C, G, T) aligned across different HIV-1 genomes.

B. FR. 83. HXB2
Env
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpd. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. VI. 110
06 cpd. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN099
08 BC. CN. 97. 97CN6X 6F
09 cpd. GH. 96. 96GH2911
10 A. TZ. 96. 96TZ BF051
11 cpd. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpd. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR089 C
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpd. CU. 99. CU76
19 cpd. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU193
21 AZD. KE. 99. KER2903
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpd. CM. 02. 021818L
26 ASU. CD. 02. 02ASU MBT047
27 cpd. FR. 95. 95CFR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EEO369
33 01B. ID. 07. 07ID3K189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpd. CM. 00. 00CMYU830
37 cpd. CM. 00. 00CMYU926
38 BF. UY. 03. UY93 3389
39 BF. BR. 04. 04BR3179
40 BF. BR. 05. 05BR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpd. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 G. CM. 03. M2677
50 AID. GB. 10. 7792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11IFR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 18. 18CN102056
56 cpd. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09YLNAA423
60 01B. IT. 11. 11BAY99
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNLF13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNLF131
65 cpd. CN. 10. YNLF 01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR PE002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpd. MY. 14. 14MYNB090
78 cpd. CN. 13. YNLT03
79 0107. CN. 15. SX15BT013
82 cpd. MM. 13. mSSDU12
83 cpd. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNSH18
87 cpd. CN. 12. DH37
88 BF. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
9. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 99. 99CMU4122
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99S5 MP1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilynn
GOR. CM. 12. SIVgor BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table of HIV-1/SIV cpz Complete Genomes. Columns: W, M, E, W, D, R, E, I, N, N, Y, T, S, L, I, H, S, L, I, E, S, Q, N, O, Q, E, K, N, E, Q, E, L, L, E, L, D, K, W, A, S, L, W, N, W, F, N, I, T, N, W, L, W, Y, I, K, L. Rows: Genomes (e.g., B. FR. 83. HXB2, 02 AG. SN. 13. 9580, etc.).

8725
CG - A - 7662
G - T - A - 7452
A - C - 7685
G - C - 8323
G - G - A - 7597
G - G - 7454
G - G - 7447
G - G - 7674
G - G - 8240
G - C - 7700
G - G - 7757
G - C - 7647
G - C - 7464
G - C - 7583
G - C - 7341
G - C - 7709
G - T - C - A - 7467
G - G - T - C - A - 7442
G - G - T - C - A - 7703
G - G - T - C - A - 7726
G - G - T - C - A - 7474
G - G - T - A - 8263
G - G - T - A - 8734
G - G - C - 7676
G - G - A - C - G - C - 7720
G - G - A - C - TC - G - 7725
G - G - T - C - 7901
G - G - A - C - G - 7690
G - G - 7459
G - G - T - C - 7457
G - G - A - C - 7472
G - G - T - C - 7457
G - G - T - C - 7671
G - G - C - 7735
G - G - C - A - G - TC - G - 7772
G - G - T - A - 7488
G - G - T - C - T - C - 7784
G - G - T - C - A - 7758
G - G - 7702
G - G - A - C - 8234
G - G - T - C - A - C - 7651
G - G - T - C - 7692
G - G - T - C - 7495
G - G - T - C - 7702
G - G - T - A - T - 7681
G - G - T - C - T - 7466
G - G - A - C - A - 7604
G - G - T - Y - 7591
G - G - TC - 7683
G - G - CC - 7597
G - G - C - A - C - G - T - A - 7602
G - G - T - C - A - 7482
G - G - C - 7626
G - G - T - A - C - 7453
G - G - C - M - 7658
G - G - T - G - G - 7653
G - G - T - C - 7585
G - G - T - A - 7801
G - G - T - A - C - 7619
G - G - C - 7660
G - G - C - A - C - 7573
G - G - T - C - A - 7567
G - G - CC - 7668
G - G - T - C - 7712
G - G - T - C - 7778
G - G - T - C - G - 7783
G - G - T - R - C - G - 7780
G - G - C - 7563
G - G - T - C - 7504
G - G - A - C - 7495
G - G - T - C - 7638
G - G - T - A - T - 7401
G - G - T - C - 7450
G - G - T - C - 7658
G - G - T - A - C - 7362
G - G - T - A - C - 7610
G - G - T - A - C - 7600
G - G - T - C - A - 7666
G - G - T - A - T - 8348
G - G - T - A - T - 8332
G - G - T - A - T - 7798
G - G - T - A - T - 7688
G - G - T - A - T - 7688
G - G - T - A - T - 8364
G - G - T - A - T - 7536
G - G - T - A - T - 7560
G - G - T - A - T - 8357
G - G - T - A - T - AC 8246
G - G - T - T - C - G - C - 7740
G - G - T - T - C - 7608
G - G - T - C - A - T - C - 7833
G - G - T - C - A - T - GA - 8373
G - G - T - C - G - 8412
G - G - T - C - A - 8283
G - G - T - C - A - 7825
G - G - T - A - C - 7716

B. FR. 83. HXB2
Rev exon 2
Tat exon 2
Env

02 AG.SN.13.9580
03 AB.RU.97.KAL153.2
04 cpx.CY.94.94CY032.3
05 DF.BE.x.VI1310
06 cpx.AU.96.BFP90
07 BC.CN.98.98CN009
08 BC.CN.97.97CN006.F
09 cpx.GH.92.96GH2911
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061
11 cpx.CM.95.95CM.1816
12 BF.AR.99.ARMA159
13 cpx.CM.96.96CM.1849
14 BG.ES.05.X1870
15 01B.TH.99.99TH.MU2079
16 A2D.KR.97.97KR004
17 BF.AR.99.ARMA038
18 cpx.CU.99.CU76
19 cpx.CU.99.CU71
20 BG.CU.99.CU103
21 A2D.KE.99.KE2003
22 01A1.CM.01.01CM.0001B8Y
23 BG.CU.03.CB118
24 BF.ES.08.X2456.2
25 cpx.CA.02.1918LE
26 ABU.CD.02.02CD.MBT047
27 cpx.FR.04.04CD.FR.KZ5
28 BF.BR.99.BREPM12609
29 BF.BR.01.BREPM16704
31 BC.BR.04.04BR142
32 06A6.EE.01.EE0369
33 01B.ID.07.JKT189.C
34 01B.TH.99.OUR1969P
35 AD.AF.07.169H
36 cpx.CH.00.00CHINYU830
37 cpx.CH.00.00CHINYU926
38 BF1.UY.03.UY03.3389
39 BF.BR.04.04BRR179
40 BF.BR.05.05BRR1055
41 CD.TZ.05.C06577V5
42 BF.LU.03.LU01.01.03
43 02G.SA.03.J11223
44 BF.CL.00.CH80
45 cpx.FR.04.04FR.AUK
46 BF.BR.07.07BR.FP5625
47 BF.ES.08.P1942
48 01B.MY.07.07MYKT021
49 cpx.GM.03.N26677
50 A1D.GB.10.12792
51 01B.SG.11.11SG.HM021
52 01B.MY.03.03MYKL018.1
53 01B.MY.10.10MYRR164
54 01B.MY.09.09MYSB023
55 01B.CN.10.HNCS102056
56 cpx.FR.10.URFS patient A
57 BC.CN.09.09NXLX13959
58 01B.MY.09.09MYPR37
59 01B.CN.09.09NLA423
60 BC.IT.11.BAV499
61 BC.CN.10.JL100010
62 BC.CN.10.YNFL13
63 AB.RU.10.10RU06637
64 BC.CN.09.YNFL31
65 cpx.CN.10.YNFL01
67 01B.CN.11.ANHUI.HF115
68 01B.CN.11.ANHUI.WH73
69 01B.JP.05.05JPMVC113SP420
70 BF1.BR.10.10BR.PE00A
71 BF1.BR.10.10BR.PE008
72 BF1.BR.10.10BR.MG002
73 BG.DE.01.9196.01
74 01B.MY.10.10MYPR268
77 cpx.MY.10.10MYPR090
78 cpx.CN.13.YNNT19
79 0107.CN.15.SX15D1013
82 cpx.MM.13.mSSDU12
83 cpx.MM.13.mSSDU94
85 BC.CN.14.14CN.SCYB2
86 BC.CN.13.13CN.SYNS18
87 cpx.CN.12.DH32
88 BC.CN.05.05YNRL2559
90 BF1.BR.11.BRG06043
0.CM.96.LA51VB35
0.AG.06.GA.06.GA06GAT1
0.CM.99.99CMU4122
0.CM.x.pCM02.3
0.ES.01.Read25.HIV.Group
0.FR.96.RBF206
0.GA.10.10gab1190
0.GA.11.11gab96352
0.SN.99.99SE.MP1350
0.US.10.LTNP
N.CM.15.S4858
N.FR.11.N1.FR.2011
P.CM.06.U14788
P.FR.09.RBF168
CPZ.TZ.06.TAN5
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.12.SIVgor.B01D2
GOR.CM.13.SIVgor.BP1D15

Table with columns for Tat end, amino acid sequence (R W R E R Q R R Q I H S I S E R I L G T Y L G R S A E P V P L Q L P P L E R L T L D C N E D C G T S G T Q), and accession numbers (8588, 7987, 7988, 7961, 7994, 8636, 7922, 7779, 7160, 7937, 7987, 8553, 8025, 8082, 7972, 7966, 7777, 7908, 8034, 7777, 8028, 8027, 7799, 8588, 8599, 7989, 8033, 8050, 8214, 7892, 7772, 7782, 7800, 7782, 7984, 8038, 8085, 7813, 8007, 8083, 8003, 8547, 7964, 8005, 7811, 8015, 7994, 7779, 7917, 7919, 8008, 7919, 7927, 7807, 7934, 7778, 8560, 7978, 7918, 8123, 7944, 7988, 7898, 7892, 7996, 8025, 8091, 8068, 8105, 7888, 7939, 7820, 7983, 7711, 7775, 7986, 7857, 7920, 8071, 7979, 8673, 8657, 8123, 8684, 8010, 8689, 7861, 7885, 8650, 8571, 7933, 8158, 8698, 8737, 8608, 8650, 8411, 8041)

B. FR. 83. HXB2
Rev exon 2
Env
02 AG. SN. 13. 9580
83 AB. RU. 97. KAL153 2
94 cpx. CY. 94. 94CY032 3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH21
10 cpx. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001B8Y
23 BG. CU. 03. CB118 2
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. X19152
26 cpx. CH. 02. CD. MIBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD FR KZS
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
30 BC. BR. 04. 04BR142
31 06AG. EE. 09. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CH. 00. 00CHNYU826
38 01. IY. 03. 03IY93 3389
39 BF. BR. 04. 04BRR179
40 BF. BR. 05. 05BRRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. YU67 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYK021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A10. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11MYF164
54 01B. MY. 09. 09MY5823
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09NYLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09NYL423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. JL100010
62 BC. CN. 10. NYNL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. NYF131
65 cpx. CN. 10. NYNL01
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMY113SP426
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE004
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
83 cpx. CN. 13. YNC19
79 0107. CN. 15. SX15D1013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. 80632
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YB35
0. CM. 96. LA52YB39
0. CM. 9A. 90CAAGATAA1TA
0. CM. x. cPM02 3
0. ES. 01. Read25 HIV Group
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SS MF1300
0. US. 10. L1NP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Rev end (TAA) in some lineages

. GGTCAGAACTAAAGAAATGCTGTAGCTGTCAATGCCACGCATAGCAGTA GCTGAGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTATGACAAGG 8728

G W E A L K Y I V W N L S P T V L Y S Q E L K N S A V S L L N A T A T A V A E G T D R V I E V V Q G

GGGACTGACT G T T TCA C G G G A T C A A T T G T G G A A T C T C T A C A G T A T T G G A G T C A G G A A C T A A G A A T G C T G T A G C T G T C A A T G C C A C G C A T A G C A G T A G C T G A G G G A C A G A T A G G G T T A T A G A G T A G T A C A A G G 8728

G T T C A G C G G A G C A A T T G T G G A A T C T C T A C A G T A T T G G A G T C A G G A A C T A A G A A T G C T G T A G C T G T C A A T G C C A C G C A T A G C A G T A G C T G A G G G A C A G A T A G G G T T A T A G A G T A G T A C A A G G 8728

G T T C A G C G G A G C A A T T G T G G A A T C T C T A C A G T A T T G G A G T C A G G A A C T A A G A A T G C T G T A G C T G T C A A T G C C A C G C A T A G C A G T A G C T G A G G G A C A G A T A G G G T T A T A G A G T A G T A C A A G G 8728

	Env gp41, gp160 end																Nef start																													
	ACGCTGTGAGCATTACGCCAC...ATACCTAGAGAATAAGACAGGCC.TTGAAAGAGGAT...TTGCTA...TAAG.....																ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAA...AGTAGT...GTAGTTGGATGCCCTACTGTA 8844																													
Env	A	C	R	A	I	R	H	I	P	R	R	I	R	Q	G	#	L	E	R	I	##	L	L	##	*	M	G	G	K	W	S	K	S	S	V	I	G	W	P	T	V					
B.FR.83.HXB2																																														
A1.CD.02.LA01A1Pr																																														

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B. FR. 83. HXB2), nucleotide sequences, and alignment positions (e.g., 8945). The table shows multiple sequence alignments with gaps and matches.

Table of sequence alignments for HIV-1/SIVcpz Complete Genomes. The table consists of 10 columns: reference sequence (AGGGAAGAATGAGACGA...), alignment (consensus sequence with dashes for gaps), and accession numbers (8945, 8364, 8125, 8354, 8351, 8990, 8288, 8145, 8120, 8297, 8350, 8910, 8374, 8448, 8321, 8359, 8128, 8274, 8007, 8388, 8137, 8128, 8397, 8124, 8143, 8166, 8149, 8341, 8349, 8460, 8179, 8454, 8473, 8904, 8321, 8362, 8172, 8339, 8346, 8148, 8268, 8280, 8390, 8271, 8296, 8173, 8312, 8139, 8280, 8344, 8276, 8495, 8310, 8369, 8271, 8442, 8464, 8471, 8258, 8210, 8166, 8393, 8071, 8136, 8352, 8041, 8280, 8354, 9057, 9044, 8501, 9042, 8391, 9073, 8176, 8269, 9063, 8971, 8416, 8314, 8548, 9068, 9112, 8978, 8528, 8419).

Nef premature end in HXB2

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.CD.02.LA01ALPr) and their corresponding nucleotide alignments. The alignment starts with the reference sequence: CCCAAAGAAGCAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCAACACCAAGGCTACTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGCCAGGGGT...

TCF-1 alpha binding

Table with 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (GAGGAGAACAC...), Reference sequence (GENTSL...), and Position (9461-8597). The table lists various HIV-1/SIV cpz Complete Genomes and their alignment with a reference sequence.

HIV-1/SIV cpz Complete Genomes

Alignments

B. FR. 83. HXB2
Nef
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. UR. 97. KAL153 2
04 cpX. CY. 94. 94CY032 3
95 DF. BE. X. V1710
06 cpX. AU. 96. BFP90
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
09 cpX. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ180
11 cpX. FR. 95. 95CN 1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpX. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR004
17 BF. AR. 99. ARMA038
18 cpX. CU. 99. CU76
19 cpX. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU193
21 AZD. KR. 99. AKR2903
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpX. CD. 02. 1918L
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpX. FR. 05. 94CD FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06AG. FE. 01. EEO369
33 01B. ID. 07. 07ID189 C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpX. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpX. CM. 00. 00CMNYU926
38 01B. UY. 03. UY19 3389
39 BF. BR. 04. 04BR1379
40 BF. BR. 05. 05BR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 00. CH80
45 cpX. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FFS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpX. GH. 03. M2677
50 A1D. GB. 10. 7922
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11YJR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 CN. 18. 18CN102056
56 cpX. FR. 10. URF5 patient A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 IT. 11. 8V499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNF13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNF131
65 cpX. CN. 10. YNF101
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE005
72 BF1. BR. 10. 10BR PE002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpX. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpX. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 05. SX15D1013
82 cpX. MM. 13. mSSDU12
83 cpX. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2
86 BC. CN. 13. 13YNSH18
87 cpX. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06043
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. 04M02 3
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 FR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

Table with 10 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (G, A, T, C), and Position (1-9408). The table lists various HIV-1 sequences and their corresponding nucleotide alignments.

TCF-1 alpha binding

	TCF-1 alpha binding	Nef end		NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Spl-III	
	.AAC	TGCTGAC	ATC	...GAGC...TTGCTA...	CAA.GGGACTTCCGCT	GGGGACTTTCCA	GG.GAGGCG 9467
	N	#	C	*			
B.FR.83.HXB2							
Nef							
A1.CD.02.LA01ALPr							9536
A1.CM.08.886 24							8925
A1.ES.15.100 117							8963
A1.KG.11.DEMA111KE002							8960
A1.PK.15.PK034							9068
A1.RW.11.DEMA111RW002							8903
A1.SE.13.0785E							8595
A1.UG.11.DEMA110UG009							8814
A2.CM.01.01CM 1445MV							8698
A3.SN.01.DDI579							8665
A4.CD.97.97CD KCC2							9487
A6.BY.13.PV85							8984
A6.IT.02.00000							9530
A6.RU.11.11RU0950							9036
A6.UA.12.DEMA112UA024							9551
B.AR.14.DEMB14AR003							9469
B.BR.10.10BR MG035							8978
B.CU.14.14CU005							8302
B.DE.13.366396							8567
B.DR.13.947915							8684
B.DO.11.DEMB11DR001							8975
B.ES.15.100600							8926
B.FR.11.DEMB11FR001							8715
B.JP.12.DEMB12JP001							8887
B.PH.15.DEMB15PH003							9484
B.RU.11.11RU21n							8932
B.SE.15.1025E							8662
B.TH.10.DEMB10TH002							8800
B.US.16.2609							8755
C.BR.11.DEMC11BR035							8932
C.CN.10.YNFL19							8868
C.DE.10.622166							8659
C.NP.15.100 118							8945
C.ET.08.ET104							8586
C.IN.15.NIRT008							8612
C.MW.09.703010256 CH256.w96							9453
C.NG.10.10NG020523							8694
C.NP.11.11NP016							8591
C.PK.14.DEMC14PK009							8906
C.SE.15.100ET							8731
C.TZ.08.707010457 CH457.w8							9443
C.US.14.M0118v1d14 5M04 C5							8875
C.ZA.13.DEMC13ZA152							8920
C.ZM.11.DEMC11ZM006							8857
D.BR.10.10BR RJ095							8864
D.CD.03.LA17Mu0o							9548
D.CM.10.DEMD10CM009							8839
D.CY.06.CY163							8143
D.KE.11.DEMD11KE003							8808
D.SE.12.077UG							8739
D.TZ.04.C06405V4							8725
D.UG.10.DEMD10UG004							8778
D.UG.11.DEMD11UG003							8824
D.YE.02.02YE516							8661
F1.A0.06.A0 06 ANG32							8257
F1.AR.02.ARE933							8338
F1.BR.11.DEMF11BR037							9031
F1.CY.08.CY222							8096
F1.ES.11.VA0053 nfl							8913
F1.FR.04.LA22LeRe							9334
F1.RO.03.LA20DuCl							8560
F1.RU.08.080 845							9020
F2.CM.10.DEMF210CM007							8809
F2.CM.11.DEURF11CM026							8805
G.CD.03.LA23LiEd							9459
G.CM.08.789 10							8899
G.CM.10.DEMG10CM008							8850
G.CN.08.GX 2084 08							8749
G.CN.16.224GX							8737
G.ES.14.EUR 0033							8894
G.GW.08.LA57LmNe							9517
G.KE.09.DEMG09KE001							8879
G.NG.12.12NG060409							8746
H.CD.04.LA19KoSa							9538
H.CF.02.LA25LeM1							9278
J.CD.03.LA26D1An							9527
J.CM.04.04CMU11421							9063
K.CD.97.97CD EGT011							8600
K.CM.96.96CM NF0535							8604
01.AE.CM.11.1156 26							8799
01.AE.CN.12.DE00112CN011							8810
01.AE.IR.10.10IR.THR48F							8667
01.AE.JP.11.DE00111JP003							8882
01.AE.MM.14.FKSDU26							8376
01.AE.PH.15.DE00115PH012							9119
01.AE.SE.12.0785E							8583
01.AE.TH.10.DE00110TH001							8788
01.AE.TH.11.40436v09_04							8637
01.AE.TH.90.CM240							9034
02.AG.CM.10.DE00210CM013							8903
02.AG.DE.09.701114							8706
02.AG.KR.12.12MHI11 10746							9158
02.AG.KR.12.12MHR9							9166
02.AG.LR.x.P0C44951							9468
02.AG.NG.12.12NG060304							8713
02.AG.NG.x.IB032							8944
02.AG.PK.15.PK032							9097
02.AG.SE.14.098GN							8657

	TCF-1 alpha binding	Nef end		NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Spl-III
	.AAC	TGCTGAC	ATC	CAA.GGGACTTCCGCT	GGGGACTTTCCA	GG.GAGGCG 9467
	N	#	C	*		
B. FR. 83. HXB2						
Nef						
02 AG. SN. 13. 9580						8833
03 AB. RU. 97. KAL153 2						8644
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3						8882
05 DF. BE. X. V1. 1910						8913
06 cpx. AU. 96. BFP90						9524
07 BC. CN. 98. 98CN009						8811
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F						8667
09 cpx. GH. 96. 96GH2911						8640
10 cpx. TZ. 96. 96TZ BF051						8822
11 cpx. CN. 95. 95CN 1816						8882
12 BF. AR. 99. ARMA159						9452
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849						8882
14 BG. ES. 05. X1870						8987
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079						8845
16 AZD. KR. 97. 97KR004						8897
17 BF. AR. 99. ARMA038						8669
18 cpx. CU. 99. CU76						8797
19 cpx. CU. 99. CU7						8512
20 BG. CU. 99. Cu103						8915
21 AZD. KE. 99. AKR2003						8682
22 01AI. CM. 01. 01CM 0001BBY						8372
23 BG. CU. 03. CB118						8924
24 BG. ES. 08. X2456 2						8925
25 cpx. CM. 02. 1918L						8425
26 ASU. CD. 02. 02CD MBTB047						8900
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25						9493
28 BF. BR. 99. BREPM12609						8886
29 BF. BR. 01. BREPM16704						8925
31 BC. BR. 04. 04BR142						8986
32 06AG. FE. 01. EE0369						8773
33 01B. ID. 07. 07ID189 C						8775
34 01B. TH. 99. OUR1969P						8639
35 AD. AF. 07. 169H						8669
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830						8410
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926						8396
38 BF. IY. 03. UY03 3389						8897
39 BF. BR. 04. 04BRJ179						8945
40 BF. BR. 05. 05BRJ055						8982
41 CD. TZ. 05. C06577V5						8705
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03						8964
43 02G. SA. 03. J11223						8921
44 BF. CL. 00. CH80						8858
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK						9429
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625						8861
47 BF. ES. 08. P1942						8885
48 01B. MY. 07. 07MYKT021						8697
49 cpx. CM. 03. M2677						8519
50 AID. GB. 10. 1792						8868
51 01B. SG. 11. 11SG HM021						8671
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1						8790
53 01B. MY. 11. 11IFJ164						8804
54 01B. MY. 09. 09MYSB023						8915
55 01B. CN. 18. 18CN102056						8795
56 cpx. FR. 10. URF5 patient A						8396
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg						8686
58 01B. MY. 09. 09MYPR37						8836
59 01B. CN. 09. 09LNA423						8380
60 BF. IT. 11. BAV99						9422
61 BC. CN. 10. J1100010						8865
62 BC. CN. 10. YNFI13						8822
63 02A. RU. 10. 10RU6637						9018
64 BC. CN. 09. YNFI31						8836
65 cpx. CN. 10. YNFI01						8892
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115						8789
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73						8783
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420						8887
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004						8524
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008						8964
72 BF1. BR. 10. 10BR MC002						9001
73 BG. DE. 01. 9196 01						9010
74 01B. MY. 10. 10MYPR268						8782
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090						8732
78 cpx. CN. 13. YNTC19						8687
79 0107. CN. 15. SX15DT013						8789
82 cpx. MM. 13. mSSDU12						8249
83 cpx. MM. 13. mSSDU94						8319
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2						8875
86 BC. CN. 13. 13YNHS18						8869
87 cpx. CN. 12. DH32						8567
88 BC. CN. 05. 05YNRL25sg						8801
90 BF1. BR. 11. BRG06043						8881
0. CM. 96. LA51YBF35						9606
0. CM. 96. LA52YBF39						9613
0. CM. 99. 99CMU4122						9056
0. CM. 04CM02 3						9651
0. ES. 01. Read25 HIV_Group0						8944
0. FR. 06. RBF206						9628
0. GA. 10. 10Gabl190						8732
0. GA. 11. 11Gabl6352						8825
0. SN. 99. 99SE MP1300						9619
0. US. 10. LTNP						9103
N. CM. 15. S4858						8942
N. FR. 11. N1 FR 2011						8856
P. CM. 06. U14788						9083
P. FR. 09. RBF168						9602
CPZ. TZ. 06. TAN5						9636
CPZ. US. 85. US Marilyn						9534
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2						9080
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15						8953

	Spl-III	Spl-II	Spl-I	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start	TAR element end	
B. FR. 83. HXB2	GGGCTT		.GGGC.GGGACTGGGAGTGGCAGCCCTCAGATCC	TGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCCTGTACTGGG	.TCTCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCCTGGGAGCTCTCTGG	...	CTAACTAGGGAACCACTGCTT	AA 9606
02 AG. SN. 13. 9580								8833
03 AB. RU. 97. KAL153_2								8782
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3								9021
05 DF. BE. x. VI1310								9052
96 cpx. AU. 96. BF99								9063
07 BC. CN. 98. 98CN009								8949
08 BC. CN. 97. 97CNXG_6F								8802
09 cpx. GH. 96. 96GH2911								8778
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061								8960
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816								9067
12 BF. AR. 99. ARNA159								9591
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849								8916
14 BG. ES. 05. X1870								9028
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079								8980
16 A2D. KR. 97. 97KR084								9035
17 BF. AR. 99. ARMA938								8808
18 cpx. CU. 99. CU76								8936
19 cpx. CU. 99. CU7								8512
20 BG. CU. 99. Cu103								8935
21 A2D. KE. 99. KER2003								8816
22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY								8372
23 BG. CU. 03. CB118								8964
24 BG. ES. 08. X2456_2								8925
25 cpx. CM. 02. 1918LE								8425
26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047								9618
27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_KZ5								9052
28 BF. BR. 99. BREPM12609								8886
29 BF. BR. 01. BREPM16704								8979
31 BC. BR. 04. 04BR142								9057
32 06A6. EE. 01. EE0369								9229
33 01B. ID. 07. JKT189_C								8914
34 01B. TH. 99. TH1969F								8688
35 AD. AF. 07. 169H								8698
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830								8410
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926								8396
38 BF1. UY. 03. UY03_3389								8932
39 BF. BR. 04. 04BRJ179								9057
40 BF. BR. 05. 05BRJ055								9042
41 CD. TZ. 05. C06577V5								8734
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03								9103
43 02G. SA. 03. J11223								9085
44 BF. CL. 08. CH80								8858
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK								9000
46 BF. BR. 07. 07BR_FP5625								8926
47 BF. ES. 08. P1942								8835
48 01B. MY. 07. 07MYKT021								8519
49 cpx. CM. 03. N26677								8978
50 A1D. GB. 10. 12702								8810
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021								8925
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1								8942
53 01B. MY. 11. 11FIR164								9053
54 01B. MY. 09. 09MYSB023								8936
55 01B. CN. 10. HNC510256								8813
56 cpx. FR. 10. URC5_0811ent_A								8974
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg								8380
58 01B. MY. 09. 09MYPR37								9062
59 01B. CN. 09. 09LNA423								8960
60 BC. IT. 11. BAV499								9157
61 BC. CN. 10. 1110010								8969
62 BC. CN. 10. YNFL13								9030
63 02A. RU. 10. 10RU6637								8918
64 BC. CN. 09. YNFL31								8903
65 cpx. CN. 10. YNFL01								9026
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115								8524
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73								9055
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420								9062
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004								8885
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008								8835
72 BF1. BR. 10. 10BR_PG002								8750
73 BG. DE. 01. 9196_01								8249
74 01B. MY. 10. 10MYPR268								9013
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090								8656
78 cpx. CN. 13. YNTC19								8944
79 0107. CN. 15. S255DT013								8930
82 cpx. MM. 13. mSSDU12								9020
83 cpx. MM. 13. mSSDU94								9746
85 BC. CN. 14. 14CN_SCY82								9753
86 BC. CN. 13. 13YNH518								9186
87 cpx. CN. 12. DH32								9760
88 BC. CN. 05. 05YHGL25sg								9067
89 BF1. BR. 11. BRG06643								9768
0. CM. 96. LA51YBF35								8871
0. CM. 96. LA52YBF39								8964
0. CM. 99. 99CMU4122								9103
0. CM. x. pCM02_3								9069
0. ES. 01. Res025_HIV_Group0								9746
0. FR. 06. RBF296								9753
0. GA. 10. 10Gabb1190								9186
0. GA. 11. 11Gabb6352								9760
0. SN. 99. 99SE_MP1300								9067
0. US. 10. LTNP								9768
N. CM. 15. S4858								8871
N. FR. 11. N1_PR_2011								8964
P. CM. 06. U14788								9103
P. FR. 09. RBF168								9069
CPZ. TZ. 06. TAN5								9235
CPZ. US. 85. US_Marilyn								9755
GOR. CM. 12. SIVgor_B01D2								9781
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1D15								9670
A. T. -GAAAGTCCCGAGGGCGGAACCAT								9231
								9012

Poly-A signal 3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start 3' LTR U5 end
 G. CCTCAAT. AAAGCTTGCCCTTGAGTGTCTCAAGTAGTGTGCCCCCTGTG. TTG. TGTGAC. TCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGT. GTGGAAAACTCTTAGCA.

B. FR. 83. HXB2
 A1. CD. 02. LA01A1Pr
 A1. CM. 08. 886_24
 A1. ES. 15. 100_117
 A1. KE. 11. DEM111KE002
 A1. PK. 15. PK034
 A1. RW. 11. DEM111RW002
 A1. SE. 13. 078SE
 A1. UG. 11. DEM111UG009
 A2. CM. 01. 01CM_1445MV
 A3. SN. 01. DDI579
 A4. CD. 97. 97CD_KCC2
 A6. BY. 13. PV85
 A6. IT. 02. 60000
 A6. RU. 11. 11RU6950
 A6. UA. 12. DEM112UA024
 B. AR. 14. DEMB14AR003
 B. BR. 10. 10BR_MG035
 B. CU. 14. 14CU005
 B. DE. 13. 366396
 B. DE. 13. 947915
 B. DO. 11. DEMB11DR001
 B. ES. 15. 100600
 B. FR. 11. DEMB11FR001
 B. JP. 12. DEMB12JP001
 B. PH. 15. DEMB15PH003
 B. RU. 11. 11RU21n
 B. SE. 15. 1025E
 B. TH. 10. DEMB10TH002
 B. US. 16. 2609
 C. BR. 11. DEMC11BR035
 C. CN. 10. YNFL19
 C. DE. 10. 622166
 C. ES. 15. 100_118
 C. ET. 08. ET104
 C. IN. 15. NIRT008
 C. MW. 09. 703010256_CH256.w96
 C. NG. 10. 10NG020523
 C. NP. 11. 11NP016
 C. PK. 14. DEMC14PK009
 C. SE. 15. 100ET
 C. TZ. 08. 707010457_CH457.w8
 C. US. 14. M0118v1d14_5M04_C5
 C. ZA. 13. DEMC13ZA152
 C. ZM. 11. DEMC11ZM006
 D. BR. 10. 10BR_R3095
 D. CD. 03. LA17M00
 D. CM. 10. DEMD10CM009
 D. CY. 06. CY163
 D. KE. 11. DEMD11KE003
 D. SE. 12. 077UG
 D. TZ. 04. C06405V4
 D. UG. 10. DEMD10UG004
 D. UG. 11. DEMD11UG003
 D. YE. 02. 02YE516
 F1. AO. 06. AO_06_ANG32
 F1. AR. 02. ARE933
 F1. BR. 11. DEMF11BR037
 F1. CY. 08. CY22
 F1. ES. 11. VA0053_nfl
 F1. FR. 04. LA22LeRe
 F1. RO. 03. LA20DuCl
 F1. RU. 08. D88_845
 F2. CM. 10. DEMF210CM007
 F2. CM. 11. DEURF11CM026
 G. CD. 03. LA23Ied
 G. CM. 08. 789_10
 G. CM. 10. DEMG10CM008
 G. CN. 08. GX_2084_08
 G. CN. 16. 224GX
 G. ES. 14. EUR_0033
 G. GS. 08. A57LmNe
 G. KE. 09. DEMG09KE001
 G. NG. 12. 12NG060409
 H. CD. 04. LA19KoSa
 H. CF. 02. LA25LeMi
 J. CD. 03. LA26DiAn
 J. CM. 04. 04CMU11421
 K. CD. 97. 97ZR_EQT811
 K. CM. 96. 96CM_MP535
 01_AE. CM. 11. 1156_26
 01_AE. CN. 12. DE00112CN011
 01_AE. IR. 10. 10IR_THR48F
 01_AE. JP. 11. DE00111JP003
 01_AE. MM. 14. FKSDU26
 01_AE. PH. 15. DE00115PH012
 01_AE. SE. 12. 0765E
 01_AE. TH. 10. DE00110TH001
 01_AE. TH. 11. 40436v09_04
 01_AE. TH. 90. CM240
 02_AG. CM. 10. DE00210CM013
 02_AG. DE. 09. 701114
 02_AG. KR. 12. 12MH111_10746
 02_AG. KR. 12. 12MHR9
 02_AG. LR. x. POC44951
 02_AG. NG. 12. 12NG060304
 02_AG. NG. x. IBNG
 02_AG. PK. 15. PK032
 02_AG. SE. 14. 098GN

.....A.....A.....T.....A.....AC.....C.....A.....TT.....A.....
AC.....C.....G.....G.....A.....
A.....G.....ACC.....CAGAG.....T.....ATCTCTAGCA
R.....AC.....C.....A.....T.....AA
T.....C.....TAC.....G.....AA
A.....TGACTCTGGTT
CT.....
CT.....A.....C.....T
CT.....A.....G.....TG.....C
TA.....TG.....C.....G.....AGT
CT.....AA.....GT.....GT
A.....GT.....CCC
A.....T.....A.....
A.....T.....A.....
 A.....GC.....G.....C.....TCTGA.....GG.....AGCCA.....C.....CC.....GTCCC.....CCC.....TG.....AAC.....CCC.....TCTGGAAAGTCC.....CA.....CGGAA.....TCCC.....TT.....AGA.....T.....T.....C.....AT.....C.....A.....CTTCTGTGTC
T.....G.....ACAC.....A.....T.....A
AC.....C.....AT
A.....T.....C.....G.....T
A.....
K
A
A
C
A

9719
9786
9166
8977
8991
9171
9033
8595
8948
8832
8801
9739
9020
9781
9205
9619
9639
9230
8302
8567
8684
9645
8968
8846
9016
9744
9165
8750
8931
8954
9184
9013
8659
8964
8586
8699
9704
8727
8591
9156
8819
9693
9037
9094
8984
8864
9770
8965
8143
8934
8828
8754
8904
8950
8797
8257
8338
9221
8096
8935
9584
9734
9049
8936
9059
9711
9034
8979
8895
8847
8894
9767
9001
8884
9760
9443
9692
9077
8600
8604
8855
8939
8667
9025
8376
9551
8583
8916
8774
9203
9140
8706
9158
9166
9633
8742
9201
9267
8745

Poly-A signal 3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start 3' LTR U5 end
G. CCTCAAT. AAAGCTTGCCTTGAGTGTCAAGTAGTGTGCGCCGCTGTG. TTTG. TGTGAC. TCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTTAGTCAGT. GTGGAAAAATCTCTAGCA.

B. FR. 83. HXB2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153_2
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. AU. 96. BFP99
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816
12 BF. AR. 99. ARNA159
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR084
17 BF. AR. 99. ARMA838
18 cpx. CU. 99. CU7
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. Cu103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456_2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047
27 cpx. FR. 04. 04CD_FR_KZ5
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189_C
34 01B. TH. 99. OUR1969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03_3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12792
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 10. URF5_patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. J1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420AG
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR_MG002
73 BG. DE. 01. 9196_01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. S315DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNL125sg
90 BF1. BR. 11. BRG06643
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02_3
0. ES. 01. Read25_HIV_Group0
0. FR. 06. RBF296
0. GA. 10. 10Gabl190
0. GA. 11. 11Gabl6352
0. SN. 99. 99SE_MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1_PR_2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US_Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor_BQID2
GOR. CM. 13. SIVgor_BPID15

9719
8833
8808
9050
9083
9775
8978
8802
8890
8976
9017
9704
8916
9028
8999
9054
8808
8945
8512
8935
8816
8372
8964
8925
8425
9730
9745
8886
8979
9057
9229
8936
8668
8698
8410
8396
8935
9057
9042
8734
9126
9085
8858
9680
9113
8926
8884
8519
8978
8807
8925
8954
9069
8925
8396
8813
8975
8380
9684
9024
8969
9187
8969
9038
8918
8903
9112
8524
9067
9062
9062
8885
8835
8750
9000
8249
8319
9020
8656
8952
8930
9026
9816
9868
9077
9877
8980
9072
8828
9103
9072
8892
9238
9868
9893
9781
9241
9012

III

HIV-2/SIV Complete Genomes

Contents

III-1	Introduction	151
III-2	Annotated features	152
III-3	Sequences	154
III-4	Alignments	156

III-1 Introduction

The HIV-2/SIVsmm alignment contains HIV-2 genomes, plus examples from related species SIVmne, SIVstm, and SIVmac. Compared to HIV-1, fewer HIV-2 genomes have been sequenced, so we are able to include all available HIV-2 genomes, removing only problematic sequences and multiples from the same patient.

The HIV-2/SIVsmm family is presented together in spite of their different hosts, because their genomic structure is the same—the complete SIV alignment (presented in the next chapter along with a few HIV-1 sequences) is much more stretched out because of the presence of a *vpx* and absence of *vpu* genes in some of these viruses.

The Mac239 sequence (accession M33262) is the master sequence in this alignment. The alignment was generated by a HMMER model, then subsequently codon-aligned using GeneCutter and manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. In the downloadable version of this alignment, gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

III-2 Annotated features

Features of HIV-2 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	156
TCF-1 alpha	309-324	157
NF- κ -B-II	415-424	158
NF- κ -B-I	441-449	159
TATA Box	488-493	159
TAR element start	518	159
5' LTR U3 end	520	159
+1 mRNA start site	521	159
5' LTR R repeat begin	521	159
TAR element end	642	160
Poly-A signal	671-676	160
5' LTR R repeat end	694	160
5' LTR U5 start	695	160
5' LTR U5 end	818	161
Lys tRNA primer binding site	821-839	161
Gag and Gag-Pol start	1053	163
Gag p17 Matrix end	1457	165
Gag p24 Capsid start	1458	165
Gag p24 Capsid end	2144	169
Gag p2 Spacer start	2145	169
Gag p2 Spacer end	2195	169
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	169
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	170
Gag p1 Spacer start	2352	170
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	170
Pol start	2351	170
Gag p1 spacer end	2393	171
Gag p6 start	2394	171
Pol Protease start	2555	172
Gag p6 end	2585	172
Gag end	2585	172
Pol Protease end	2851	174
Pol p66 and p51 RT start	2852	174
Pol RT end	4168	182
Pol p15 RNase H start	4169	182
Pol RNase H end	4528	184
Pol p31 Integrase start	4529	184
Vif start	5340	189
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	189
Vpx start	5812	192
Vif end	5984	193
Vpx end	6150	194
Vpr start	6151	194
Tat exon 1 start	6302	195
Vpr end	6456	195
Rev exon 1 start	6528	196
Tat Rev exon 1 end	6597	196
Tat Rev intron start	6598	196

Feature	Location	Page
Env start	6604	196
Env signal peptide end	6669	197
Env gp120 start	6670	197
V1 loop start	6940	198
V1 loop end	7104	200
V2 loop start	7108	200
V2 loop end	7236	200
V3 loop start	7534	202
V3 loop end	7635	203
V4 loop start	7807	204
V4 loop end	7899	205
V5 start	8017	205
V5 end	8034	206
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	206
Env gp120 end	8178	207
Env gp41 start	8179	207
RRE end	8479	208
Tat Rev intron end	8805	210
Tat Rev exon 2 start	8806	210
Tat end	8902	211
Rev end	9059	212
Nef start	9077	212
Env gp41, gp160 end	9243	213
Premature stop in SMM239	9355	214
3' LTR U3 start	9462	214
TCF-1 alpha binding	9770-9785	216
Nef end	9868	217
NF- κ -B-II	9876-9884	217
NF- κ -B-I	9891-9900	217
TATA box	9949-9955	218
TAR element start	9980	218
3' LTR U3 end	9978	218
3' LTR repeat start	9979	218
TAR element end	10103	219
Poly-A signal	10132-10137	219
3' LTR R repeat end	10155	219
3' LTR U5 start	10156	219
3' LTR U5 end	10279	220

III-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	Germany	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.FR.00.LA38	KY025539	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.01.LA42	KY025543	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.02.LA36GomM	KU168287	France	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
A.FR.93.LA37	KY025538	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.96.LA40	KY025541	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA39	KY025540	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA41	KY025542	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.GH.x.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	Gambia	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Guinea- Bissau	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea- Bissau	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	Guinea- Bissau	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	India	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.NL.01.RH2.13	MF595856	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.14	MF595858	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.3	MF595854	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.7	MF595862	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.02.RH2.5	MF595860	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.03.RH2.21	MF595864	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.03.RH2.24	MF595866	Netherlands	Lungu, C.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	Portugal	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	Cote D'Ivoire	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.FR.00.LA44	KY025545	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
B.FR.98.LA43	KY025544	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.GH.86.D205_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	Japan	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
F.US.08.NWK08	KP890355	United States	Bond, N.G.	Unpublished
G.CI.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F.	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	United States	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ_6P6	L09212	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 67 (5):2466-2474 (1993)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	United States	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)

5' LTR U3 start

TGGAAGGGATTATTACAGTCAAGAAGA.CATAGAATCTTAGACATATACCTAGAAAAGGAAGGACATACACAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGA 169

A.CI.88.UC2G-T-----AGGGAT-----C-----T-G-----C-----G-----GG-A-----A-----T-TCAT-G-----G-G-G-----T-TGC-C-G-----G-----C-----A-A-----CA-G-----C-A-----	169
A.DE.x.BENC-----G-T-----AGG-G-----C-----A-G-----G-A-----A-----T-TCAT-G-----G-A-G-----T-TAC-C-G-----G-----GC-----AT-A-----G-AC-C-----C-A-----	169
A.DE.x.PE12 KR KRCCT-----G-----AG-----GA-----A-----TG-----A-G-----G-A-----G-A-----A-----C-T-----TCAT-G-----G-A-G-----TTC-----G-----GC-----A-A-----G-C-----CC-----C-A-G-----	170
A.FR.00.LA38G-T-----A-----A-----A-----TG-----G-----G-A-A-TG-----AA-C-T-----CAG-----G-A-----T-TTC-----G-----G-----C-----A-A-----G-CC-----C-A-----	169
A.FR.01.LA42G-T-----AG-----G-----TC-----G-----G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----G-----GC-----G-A-----G-CC-----C-A-----	166
A.FR.02.LA36gomMG-T-----AG-----G-----TC-----G-----G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----G-----GC-----G-A-----G-CC-----C-A-----	166
A.FR.93.LA37G-T-----AG-----G-----TC-----G-----G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----G-----GC-----G-A-----G-CC-----C-A-----	160
A.FR.96.LA40G-----T-----A-----C-----TAG-G-----G-----G-A-A-TG-----A-C-T-----TCAT-G-----G-A-G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-A-----G-----TC-----C-A-----	169
A.FR.98.LA39G-----T-----A-----C-----TAG-G-----G-----G-A-A-TG-----A-C-T-----TCAT-G-----G-A-G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-A-----G-----TC-----C-A-----	169
A.FR.98.LA41G-----T-----AG-----TC-----TAG-G-----G-----G-A-A-T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC-----G-A-----G-CC-----C-A-----	104
A.GH.x.GH1G-----T-----AG-----TC-----TAG-G-----G-----G-A-A-T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC-----G-A-----G-CC-----C-A-----	169
A.GM.87.D194	0
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GW.86.FG c1one NIHZC-G-T-----A-----C-G-T-----A-----G-A-TG-----A-C-T-----TAGT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC-----A-A-----G-ACC-----C-A-----	169
A.GW.87.CAM2CG	0
A.GW.x.MDSG-----AG-----GAGA-----A-----TT-----G-----G-A-T-----C-----A-C-T-----AGT-G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----GC-----A-A-----CC-----C-A-----	169
A.IN.07.NNVAG-----AG-----GAGA-----A-----TT-----G-----G-A-T-----C-----A-C-T-----AGT-G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----GC-----A-A-----CC-----C-A-----	24
A.IN.95.CR1K 147G-----T-----AG-----A-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-G-----T-----TGC-----C-----G-----GC-----A-A-----G-CA-----C-A-----	168
A.JP.88.NMC786 c1one 41G-----T-----AG-----A-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-G-----T-----TGC-----C-----G-----GC-----A-A-----G-CA-----C-A-----	169
A.NL.01.RH2 13G-----T-----AG-----A-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-G-----T-----TGC-----C-----G-----GC-----A-A-----G-CA-----C-A-----	169
A.NL.01.RH2 14G-----T-----AG-----A-----C-----T-G-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-A-G-----T-----TGC-----C-----G-----GC-----A-A-----G-CA-----C-A-----	169
A.NL.01.RH2 3G-----T-----AG-----G-----C-----T-C-----TC-----C-----T-G-----G-----T-----G-----A-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-G-G-----TC-----G-----G-----C-----A-A-----G-CC-----C-A-----	169
A.NL.01.RH2 7G-----T-----AG-----G-----C-----T-C-----TC-----C-----T-G-----G-----T-----G-----A-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-G-G-----TC-----G-----G-----C-----A-A-----G-CC-----C-A-----	169
A.NL.02.RH2 5G-----T-----A-----G-----G-----C-----T-C-----TC-----C-----T-G-----G-----T-----G-----A-A-----T-----A-----T-TCAT-G-----G-G-G-----TC-----G-----G-----C-----A-A-----G-CC-----C-A-----	169
A.NL.03.RH2 21G-----T-----AG-----C-----G-----A-A-----T-----A-----C-----TCAT-G-----A-----G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-AA-----G-ACCC-----C-A-----	169
A.NL.03.RH2 24G-----T-----AG-----C-----G-----A-A-----T-----A-----C-----TCAT-G-----A-----G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-AA-----G-ACCC-----C-A-----	169
A.PT.x.ALIG-----T-----AG-----C-----G-----A-A-----T-----A-----C-----TCAT-G-----A-----G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-AA-----G-ACCC-----C-A-----	169
A.SN.85.RODG-----T-----AG-----C-----G-----A-A-----T-----A-----C-----TCAT-G-----A-----G-----T-----TTC-----G-----GC-----A-AA-----G-ACCC-----C-A-----	0
A.SN.86.ST 35P4 27C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----A-AT-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----	169
B.CI.88.UC1C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----A-AT-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----	168
B.CI.x.20 56TC-----T-----AG-----G-----A-----AC-----C-----TC-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----ACAT-----G-----G-----A-----T-----C-----TTC-----G-----GC-----G-----AA-----A-----GAT-----CA-----	169
B.CI.x.EH0C-----T-----AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----ACAT-----G-----G-----A-----T-----C-----TTC-----G-----GC-----G-----AA-----A-----GAT-----CA-----	169
B.FR.00.LA44A-----T-----AGGA-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----T-----TG-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----TCAT-----G-----GG-----A-----GC-----T-----C-----ATTC-----T-----T-----G-----GC-----A-----A-----G-----AA-----GG-----ACA-----	169
B.FR.98.LA43A-----T-----AGGA-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----T-----TG-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----TCAT-----G-----GG-----A-----GC-----T-----C-----ATTC-----T-----T-----G-----GC-----A-----A-----G-----AA-----GG-----ACA-----	169
B.GH.86.D205 ALTG-----T-----AG-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----T-----TG-----GT-----T-----GC-----AA-----C-----T-----TCAT-----G-----G-----A-----GC-----T-----C-----ATAC-----T-----G-----GC-----G-----A-----A-----G-----G-----GC-----CA-----	169
B.JP.01.IMCJ KR020 1	0
F.US.08.Nwk08	0
G.CI.92.Abt96	0
AB.CM.03.03CM 510 03	0
H2 01 AB.CI.90.7312AT-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----G-----T-----GAG-----T-----AG-----TGTT-----GA-----A-----C-----A-----AT-----G-----G-----A-----T-----ACAC-----G-----C-----G-----A-----GG-----A-----GG-----CA-----T-----	169
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20T-----T-----AG-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-----CT-----T-----GA-----AA-----C-----ACAT-----G-----GG-----A-----T-----ATAT-----G-----C-----A-----AA-----G-----A-----GG-----CA-----C-----	169
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01T-----T-----AG-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-----CT-----T-----GA-----A-----C-----ACAT-----G-----GG-----A-----T-----TAT-----G-----C-----A-----AA-----G-----A-----GG-----CA-----C-----	169
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10T-----T-----AG-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----AG-----CT-----T-----GA-----A-----C-----ACAT-----G-----GG-----A-----T-----TTC-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----GG-----CA-----C-----	169
U.CI.07.07TC TNP3	0
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.251 1A11T-----	169
MAC.US.x.251 32H PJ5G-----G-----	169
MAC.US.x.251 BK28G-----G-----	169
MAC.US.x.MM142 IVMXXC-----	0
MNE.US.82.MNE 8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92B	0
SMM.US.04.G078	0
SMM.US.04.G932	0
SMM.US.04.M923	0
SMM.US.04.M940	0
SMM.US.04.M947	0
SMM.US.04.M950	0
SMM.US.05.D215	0
SMM.US.06.FTq	0
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10A-AG-A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TAC-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.86.CFU212A-AG-A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-CAC-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.x.F236 H4A-AG-A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TTC-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----	95
SMM.US.x.H9A-AG-A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TTC-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----	95
SMM.US.x.PBJ 6P6A-AG-A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TTC-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----	169
SMM.US.x.PGM53A-AG-A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TTC-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----	95
SMM.US.x.SME543A-AG-A-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----T-----T-TTC-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----	169
STM.US.89.STM 37 16AG-----G-----	30

	TCF-1 alpha	
MAC.US.x.239GAGCATGAGGAGCATTATTATTAATGCATCCAGCTCAAACTCCCCAGTGGGATGACCTTGGGGAGAGTTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTGGCTTACACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAGAGTTTGGGAAGCAAGTCAG	327
A.CI.88.UC2	---G---T---ACCA-C-GC-----C---A---AAG-AGA-AT---ATACAT-G--ACA--TG--CG--A-CT-C-TG-----TGAG-CA---C-TCAC-CT-----A--GCA-----	327
A.DE.x.BEN	---G---A---CCA-C-GC---G-A-C-A---AAG-AGACAT---TGAGCAT-G-ACAT-TG-C---CT-C-TG---T-AC-CA---C-TCAC-CTG-----GCA-----	327
A.DE.x.PET2 KR KRCC	T-----A-----C-C-GC---C-A-C-A---AAG-GG-CT---CAT-G-AACAT-ATG-G--C-T-GG-----TGAG-AC---T-T-AA-C-----A--GTAT-----	319
A.FR.00.LA38	---GGA-----CAC-ACT-C-GC---C---A---AAG-A--TT---GCAT-G-ACAT-G-TC---GA---T-TG-----TGAG-CA---C-T-A-CCT-C-----G-A--GCA-----	327
A.FR.01.LA42	---GG-----AGCAG---CACCC---C-GC---GT-A-C---A---AAA-A--AT---ACAT---AAC-A---TG-GT---C-C-GG---T-TGAG-CA---C-T-AA-A-----G-A--GCAT-----	318
A.FR.02.LA36GomM	---G-G-----TAC-----C-GC---C---A---AAAGGAG--TT---AGCAT-G-AACAT-TG-G--C-T-G-----TGA-CACA---C-TCAAACTG-T-----G-A--GCA-----	318
A.FR.93.LA37	---GG-----AGCAG---CACCC---C-GC---GT-A-C---A---AAA-A--CAT---ACAT---AAC-A---TG-GT---C-T-C-GG---T-TGAG-CAC---C-T-AA-A-----G-A--GCAT-----	318
A.FR.96.LA40	---AGG-----GC-C-TACCA-C-GC---C---A---AAG-AG-CAT---ACAT-G-AACAT-TC---G-A-C-T-G---T-T-GC-C---T-T-AC-C-C---C-G-A--GTA-C-----	327
A.FR.98.LA39	---G-G-----TAC-----C-GC---C---A-G-AAG-TG-CAA---ATACAT---AAC-A---G-TG---G--C-C-GG---A-T-GTGAC---T---C-T-AAG-A-T-----G-A--AAGTAT-----	321
A.FR.98.LA41	-----TAC-----C-GC---C---A-G-AAG-TG-CAA---ATACAT---AAC-A---G-TG---G--C-C-GG---A-T-GTGAC---T---C-T-AAG-A-T-----G-A--AAGTAT-----	321
A.GM.87.D194	-----GACTGAGACT---CAC---ACT-C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG---C-T-AC-C-----A--GCA-----	339
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-----GACTGAGACT---CAC---ACT-C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG---C-T-AC-C-----A--GCA-----	0
A.GM.x.MCN13	-----GACTGAGACT---CAC---ACT-C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG---C-T-AC-C-----A--GCA-----	0
A.GW.86.FG c1one NIHZ	---G-G---GACTGAGACT---CAC---ACT-C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG---C-T-AC-C-----A--GCA-----	0
A.GW.87.CAM2CG	---G-G---GACTGAGACT---CAC---ACT-C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG---C-T-AC-C-----A--GCA-----	339
A.GW.x.MDS	---G-G-A-----CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	327
A.IN.07.NNVA	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	0
A.IN.95.CRIK 147	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	73
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	326
A.NL.01.RH2 13	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	321
A.NL.01.RH2 14	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	327
A.NL.01.RH2 3	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	321
A.NL.01.RH2 7	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	321
A.NL.02.RH2 5	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	318
A.NL.03.RH2 21	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	318
A.NL.03.RH2 24	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	318
A.PT.x.ALI	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	327
A.SN.85.ROD	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	0
A.SN.86.ST JSP4 27	-----G---CAC---AACT-C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A--GCA-----	0
B.CI.88.UC1	---A-AG-----GA-CG-AAACAG-G-C-GG---C---A-G-T-C-TTCA---ATCCAC-G-ACC-T-C---CG---C-CCTC---AC-TGAC---TA-C-TCAAC-G-----GTATC-----	327
B.CI.x.20 56	A-A-G-----AGA-CA-AA-CAG-G-C-GG---C---A-G-G-C-TCA---CCAC-G-AACC-T-T-C---C---C-CCTC---AC-TGAC---ATA-C-TCAAC-G-T-----GTATC-----	326
B.CI.x.EH0	AC-G-----C-G-AACC-G-C-GG---C---A-G-C-GCA---CCAC-A-ACC-T-T-C---C---CT-CCTC---A-A-TGAC---T-C-TCAGC-G-T-----GTATC-----	327
B.FR.90.LA44	A-A-A-----GA-CA-AAGCAGC-GCC-G---C---A-G-C-TTCA---CCAC-G-AACC-T-T-C---C---CT-TCAC---A-TGAC---TA-C-TCAAC-AG-T-T---G-----TATTC-----	327
B.FR.98.LA43	CA-C-----GA-G-----C---GCC-G-C-G---A-G-G-C-TTCA---CCAT-G-ACC-T-T-C---C---T-C-TG---A-TGA---T-C-TCAA---T-----C-GTA-C-----	327
B.GH.86.D205 ALT	A-C-GAGAG-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	330
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
F.US.08.Nwk08	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
G.CI.92.Abt96	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
AB.CM.03.03CM 510 03	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
H2 01 AB.CI.90.7312A	AA-C-G-GAG-----A-G-ACC-G-C-G-G---C---A-G-CG-GCA---T-CCAT-G-AC-T-T-C---C---T-CCTC---A-TT-AG---C-TCAAC-G-T-----GTATC-----	329
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AA-C--GAG-----G-ACC-G-C-G-G---C---A-G-C-TGCA---CCAT-G-AC-T-T-C---C---CT-CCTC---A-TT-A---C-TCAAC-AG-T-----GTATC-----	330
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AA-C-AGAG-----G-ACA-G-C-G-G---C---A-G-C-GCA---CCAT-G-AC-T-T-C---C---CT-CCTC---A-TT-A---C-TCAAC-AG-T-----GTATC-----	330
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	AA-C--GAG-----G-ACC-G-C-G-G---C---A-G-C-TTCA---CCAT-G-AC-T-T-C---C---T-CCTC---G-TT-A---C-TCAAC-G-----GTATC-----	330
U.CI.07.07TC TNP3	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
U.FR.96.12034	-----G-AACC-GCC---C-G-A-G-T-C---TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC---A-TGA---T-T-TCAA---G-TT-----C-GTA-C-----	0
MAC.US.x.251 1A11	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	327
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	327
MAC.US.x.251 BK28	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	326
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
MNE.US.82.MNE 8	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
MNE.US.x.MNE027	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.SL.92.S192B	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.G078	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.G932	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.M923	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.M940	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.M947	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.04.M950	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.05.D215	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.06.FTQ	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	0
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	A-T-----A-C-ACA---GCC-G---G-A-G-CAT---C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG-----T-T-----	327
SMM.US.86.CFU212	A-T-----A-C-ACA---GCC-GG---G-A-G-AT---C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG-----T-T-----	327
SMM.US.x.F236_H4	A-T-----A-C-ACA---GCC-GG---G-A-G-AT---C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG-----T-T-----	0
SMM.US.x.H9	A-T-----A-C-ACA---C-G---A-----T-----C-----A-G-----AGT-A-T-T-AC-A---T-A-GAGC-----T-T-C-----	253
SMM.US.x.PBJ 6P6	A-T-A-----A-C-ACA---C-G---A-G-TA---T---C-----A-G-----CAAT-A---GA-----T-T-A-C-----T-T-----	253
SMM.US.x.PGM53	A-C-----A-C-ACA---GCC-GG---A-G-CAT---C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG-----T-T-----	327
SMM.US.x.SME543	A-C-----A-C-ACA---GCC-GG---A-G-CAT---C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG-----T-T-----	327
STM.US.89.STM 37 16	-----A-G-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----	30

		NF-κ-B-II	
MAC.US.x.239	GCCTGTGACAGGAAGAGGTT.AGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGCCCTTAACTGGCTGACAAG.....AAGG.....AAACTCGTGAACAGCAGGGACTTTCCACAA.GGGGATGT	436	
A.CI.88.UC2	-AT--C--A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T.....AGTGAATAA..C-G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAG-A-A---G-T-----G-----C-----	471	
A.DE.x.BEN	-AT--C--A---ATGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T.....AGTGAATAA..C-G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAG-ACA---GG-T-----G-----C-----	471	
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-T--C-A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT.....AGTTAA..AGAC-G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGACTAAG-A-A---G-T-----G-----C-----	452	
A.FR.00.LA38	-T-ACA-----CTGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-GTTAAA-G-C.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	471	
A.FR.01.LA42	-A-C-A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-GTTAAAAGG.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	461	
A.FR.02.LA36omM	-T-AC--A-G-ATGG.-AGGC-AA-G-AA-----G-AA-CATT-GCTAAA-AC.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-AG-ACA---G-T-----G-----C-----	461	
A.FR.93.LA37	-A-C--A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT--GT-AGAGGC.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	461	
A.FR.96.LA40	-A-C--A---ATGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAAA-AC.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-ACA---G-T-----G-----C-----	469	
A.FR.98.LA39	-A-AAG-A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-AT-----GA-A-CATTT-ATTAAGAG.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTT-CA-G---G-T-----G-----C-----	334	
A.FR.98.LA41	-A-GAG---C---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTTGA-TAGRGAC.....G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	464	
A.GH.x.CH4		0	
A.GM.87.D194		0	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85		0	
A.GM.x.MCN13		0	
A.GW.86.FG clone NIHZ		0	
A.GW.87.CAM2CG	---AC--A-T---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT.....AGTTAA..GGGC-G-AACAACCATACATGGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	482	
A.GW.x.MDS		0	
A.IN.07.NNVA	---AC--A---TGG.-AGGC-AT--AG--G-A--A-CATTT.....AATTAAGGAGAC-G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	473	
A.IN.95.CR1K 147	-T-AC-----TGG.-AGGC-A-G-AA-----G-AA-A-CCTTT.....AGCTAA..GAGAC-G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA-T-G-T-----G-T-----C-----	217	
A.JP.08.NMC786 clone 41	-AT--C--A---ATGG.-AGC-A-G-AA-----GA-A-CAC-T-GTTAAA-AC.....AGCTAA..CAAC-G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	469	
A.NL.01.RH2.13	---C-A---TGG.-AGC-A-G-AA-----GA-A-CAT-T-GTTAAA-AC.....G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	464	
A.NL.01.RH2.14	---C-A---TGG.-GC-A-G-AA-----G-AA-A-CATGTGATTAAGAT-GAC..AGCTATACTTGGTCA.GG-CAGGAAGTAAGTACTGAAACAGCTGAGACTGAGGGG--AAG-G-T-----G-----C-----	491	
A.NL.01.RH2.3	---C-A---TGG.-A-GC-A-G-AA-----GA-A-CAC-T-GTTAAA-AC.....G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	464	
A.NL.01.RH2.7	---C-A---TGG.-A-GC-A-G-AA-----GA-A-CAC-T-GCTGAA-AC.....G-AACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	464	
A.NL.02.RH2.5	---C-A---CTGG.-AGGAG-A-G-AA-----G-AA-A-CATTTGA-TAA-AC.....G-AACAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	460	
A.NL.03.RH2.21	---C-A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA-GAC.....G-AATAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	461	
A.NL.03.RH2.24	---C-A---TGG.-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT-GCTGAA-AC.....G-AATAGCTATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	461	
A.PT.x.ALI	---C-A-T---TGG.-AGGC--A-G-AA-----GA-A-CATTT.....AGT--AACAGGAACAGCTGA.....TTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTT-G-ACA---G-T-----G-----C-----	468	
A.SN.85.ROD		0	
A.SN.86.ST_JSP4_27		0	
B.CI.88.UC1	-AT-AC--A-G-TGA.-AGGCT-A--AA-----GA-A-C-CAGACTAG-CA-GAGACAGCAGCATAAAC.....AGGAAGTACTGACACTGCACAAG.AGGGAAACT..A--C-C-----A--A-C-----	475	
B.CI.x.20.56	-G-AC--A---TGG.-AGGCT-A--AA-----AA-A-C-CAGACTAG-CAGGAACAGCAGCTTAAAG.....AGGAAGTACTGACACTGCATAA.ACAGGAACT..A--C-T-----AT---CA-----	473	
B.CI.x.EH0	-AA-C--A---TGG.-AGGCT-AA-G-AA-----AA-A-C-CAGACTAG-CAGGAAGAAATACAGCACAAAG.....AGGAAGTACTGACACTGCATAGAGAGGAAACT..A--T-T-----G---C-----	475	
B.FR.00.LA44	-GT-AC--A-G-ATGG.-AGGCT-A-G-AA-----AA-A-C-CAGACTAG-CAGGAAGAAATACAGCACAAAG.....AGGAAGTACTGACACTGCATAGAGAGGAAACT..A--C-C-----G---C-----	474	
B.FR.98.LA43	-G-AC-G--A-G-TGG.-AGGCT-A-G-AA-----AA-A-C-CAGATTAG-CA--AGACAGC..AGCAT-AACAGGAAGTACTGACACTGCACAAGAGGA..G-A--C-T-----A--A-C-----	476	
B.GH.86.D205 ALT	-G-AC---G---TGG.-AGGCT-A--AA-----GA-A-C-CAGATTAG-CA-GAGACAGCAGCATAAAC.....AGGAAGTACTGACACTGCACAAG.AGGGAAACT..A-A-C-T-----A--A-C-----	478	
B.JP.01.IMCJ KR020_1		0	
F.US.08.NwK08		0	
G.CI.92.Abt96		0	
AB.CM.03.03CM 510 03		0	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-AT-AC--A-G-ATGG.-AGGCT-A--AA-----A-A-C-CAGA-TAGACAGGAAGCAGCAGCATAAA..G-AACTAGCTGACCTGCATAGAAAGGAAACTGGCT.....C-T-----G-----C-----	479	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-AT-AC--A-G-ATGG.-AGGCT-A-G-AA-----A-A-C-CAGA-TAGACAGGAAGAAACAGCAGCATAAA..GGGAAGTACTGACCTGCATAGAAAGGAAACT..G-C-T-----G-----C-----	479	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-AT-AC--A-G-ATGG.-AGGCT-A--AA-----A-A-C-CAGA-TAGACAGGAAGAAACAGCAGCATAAA..GGGAAGTACTGACCTGCATAGAAAGGAAACT..G-C-T-----G-----C-----	479	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-AA-C--AA-G-ATGG.-AGGCT-A-G-AA-----A-A-C-CAGA-TAGACAGGAAGCAGCAGCATAAA..GGGAAGTACTGACCTGCATAGAAAGGAAACT..G-C-T-----G-----C-----	480	
U.CI.07.07IC_TNP3		0	
U.FR.96.12034		0	
MAC.US.x.251.1A11		435	
MAC.US.x.251.32H PJ5		436	
MAC.US.x.251.BK28		435	
MAC.US.x.MM142.IVMXX		0	
MNE.US.82.MNE.8		0	
MNE.US.x.MNE027		0	
SMM.CI.79.SIVsmCI2		0	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		0	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		0	
SMM.SL.92.SIVsmSL92B		0	
SMM.US.04.G078		0	
SMM.US.04.G932		0	
SMM.US.04.M923		0	
SMM.US.04.M940		0	
SMM.US.04.M947		0	
SMM.US.04.M950		0	
SMM.US.05.D215		0	
SMM.US.06.FTq		0	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-T-----AA-AG-----A-A-----AAGGAAACAAGCTGA.....G-----C-----	437	
SMM.US.86.CFU212		0	
SMM.US.x.F236_H4	-T-----A-AG-----A-----AAGGAAACAAGCTGA.....G-----C-----	435	
SMM.US.x.H9		0	
SMM.US.x.PBJ 6P6	-T--A---G-CAG-----T-A-A-----AAGAAAACAAGCTAA..G-CA-CAGGGACTTTCCACAAGACAGCAGGGACTTTCC.AC-----G-----A-----	407	
SMM.US.x.PGM53	-T--G---A-AG-----T-A-A-----AAGGAAACAAGCTGA.....G-----A-----	363	
SMM.US.x.SME543	-T-----A-AG-----A-TA-----A-----AGGAAACAAGCTGA.....GACAGCAGGGACTTTCC.AC-----G-----A-----	450	
STM.US.89.STM_37_16		109	

	NF-κ-B1	TATA Box	5' LTR U3 end	+1 mRNA start site TAR element start 5' LTR R repeat begin	
MAC.US.x.239	TAC..GGGGAGTACTGGGGAGGAGCGGTGGGAACGCCCACTTTCTTGATGTATAAATATCACTGCATTTCCGCTCTGTATT.CAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTTCCAGCAGCTAGCAGGTAGAGCCCTGGGTGTTCCCTGCTAG				603
A.CI.88.UC2	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--AC-----G--AC--C--T--CC--A-----T--C-----C-----A-----C-----C-----				640
A.DE.x.BEN	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--AC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----C-----A-----A-----G-----				640
A.DE.x.PET2 KR KRCC	A--CA-----G--GT-----A--G-----T--A--A--C-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----C-----C-----				620
A.FR.00.LA38	A--CGA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TC--C--AT-----C--T-----C-----A-----				640
A.FR.01.LA42	A--CA-----G--AT-----TT--G-----T--A--A--C--TC-----G--AC--C--TGC--T--CT-----C-----A-----				630
A.FR.02.LA36gomM	A--CAT-----G--AT-----TT--G-----T--A--A--C--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----T-----				630
A.FR.93.LA37	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C--T-----G-----				631
A.FR.96.LA40	A--CA-----G--AT-----A--T--GA-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--A-----A--T-----				638
A.FR.98.LA39	A--CA-----G--AT-----A-----C--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--A-----A--T-----				303
A.FR.98.LA41	A--CA-----G--AT-----A-----C--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C--T-----				633
A.GH.x.GH				85
A.GM.87.D194				85
A.GM.x.ISY SBL 6669 85				85
A.GM.x.MCN13				84
A.GW.86.FG c1one NIHZ				651
A.GW.87.CAM2CG	AC--AG-----G--TAT-----T--G-----T--A--A--C--TC-----TCAC--C--TGC--T--AT-----C--T-----C-----				85
A.GW.x.MDS				634
A.IN.07.NNVA	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C--T-----C-----AG--C-----T-----				386
A.IN.95.CR1K 147	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--T--AT-----C--T-----C-----A-----				638
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--AC-----G--AC--C--T--C--T-----C-----C-----A-----				633
A.NL.01.RH2_13	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----				661
A.NL.01.RH2_14	A--CA-----G--AT-----TT--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C--T-----				633
A.NL.01.RH2_3	A--CA-----G--A-----T--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----				633
A.NL.01.RH2_7	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----				629
A.NL.02.RH2_5	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--TC--GCA--TGTAT-----				630
A.NL.03.RH2_21	A--CA-----G--AT-----TT--G-----T--A--AT--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----				630
A.NL.03.RH2_24	A--CA-----G--AT-----TT--G-----T--A--A--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----				636
A.PT.x.ALI	A--CA-----A--G--AT-----T--G-----T--A--A--C--CC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----G-----				85
A.SN.85.ROD				85
A.SN.86.ST_JSP4_27				643
B.CI.88.UC1	A--AT-----G--AT-----TT--T-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----C-----				641
B.CI.x.20 56	A--AA-----A--AT-----T--G-----T--AAAAATC-----G--AC--C--T--CT--AT-----AC-----				643
B.CI.x.EH0	A--AGT-----G--AT-----A--GA-----T--CAAGACTC-----G--AC--C--T--GT--AT-----AC-----				642
B.FR.00.LA44	A--A-----A--AT-----T--G-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--CT--AT-----AC-----				644
B.FR.98.LA43	A--AT-----GG--AT-----TT--T-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--A-----C-----				646
B.GH.86.D205 ALT	A--AT-----AG--AA-----G--TT--T-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--C--AT-----				0
B.JP.01.IMCJ KR020_1				7
F.US.08.Nwk08				0
G.CI.92.Abt96				7
AB.CM.03.03CM 510 03				0
H2 01 AB.CI.90.7312A	A--AGT-----G--AT-----TT--G-----T--AAGCCTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----				648
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	A--AGT-----G--AT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----				648
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	A--AGT-----G--AT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----				648
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	A--AGT-----G--GT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----				649
U.CI.07.07IC_TNP3				113
U.FR.96.12034				136
MAC.US.x.251 1A11				602
MAC.US.x.251 32H PJ5				603
MAC.US.x.251 BK28				591
MAC.US.x.MM142 IVMXX				85
MNE.US.82.MNE 8				85
MNE.US.x.MNE027				85
SMM.CI.79.SIVsmCI2				0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1				0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A				0
SMM.SL.92.SL92B				84
SMM.US.04.G078				0
SMM.US.04.G932				0
SMM.US.04.M923				0
SMM.US.04.M940				0
SMM.US.04.M947				0
SMM.US.04.M950				0
SMM.US.05.D215				0
SMM.US.06.FTq				0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	C--T-----T-----CT-----AT--CTC-----A-----				603
SMM.US.86.CFU212				0
SMM.US.x.F236_H4	C--T-----T-----CT-----AT--CTC-----CA-----				600
SMM.US.x.H9				86
SMM.US.x.PBJ 6P6				573
SMM.US.x.PGM53	C--T-----A--T--T-----C-----G--AT--CTC-----CA-----A-----G--C-----C-----				529
SMM.US.x.SME543	C--T-----T-----CT-----AT--CTC-----CA-----G-----				616
STM.US.89.STM_37_16	A--A-----GA--GTACT-----T--G-----TT--A--TC-----CA--C--T--A--A-----A-----A-----				276

	TAR element end	Poly-A signal 5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	ACTCTCACCAGCACTTGGCCGGTGGCGAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTT...	AAAGCCCTCTTCAATAAA.GCTGCATTTTAGAAGTAAGCTA..GTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCGCCTGTGC.	AACCTCGTACTCAATAAT.AAGAA.....	758
A.CI.88.UC2	-----TG--C-----CA-----C-G-----A-----A-----C--T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C--T-A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	794
A.DE.x.BEN	-----T-----A-----C-G-----A-----G-----C--T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C--T-A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	795
A.DE.x.PET2 KR KRCCG	-----T-----A-----C-G-----A-----G-----C--T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C--T-A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	774
A.FR.00.LA38	-----TG-----CA-----C-G-----AAA-G-C-T-AA-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----T-CG--TGTTTCACC--GTAT--C-----	795
A.FR.01.LA42	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	784
A.FR.02.LA36gomM	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	784
A.FR.93.LA37	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----GCTGC-AT-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-AT-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	785
A.FR.96.LA40	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----GCTGC-AG-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-AG-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	792
A.FR.98.LA39	-----G-----C-----C-G-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-A-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	657
A.FR.98.LA41	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----GCTGC-AG-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----GCTGC-AG-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	787
A.GH.x.GH	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	789
A.GM.87.D194	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	239
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCCTC--G-GT--C-----	240
A.GM.x.MCN13	G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-AT--C-----	240
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----T-CG--TGTTTCACC--GTAT--C-----	238
A.GW.87.CAM2CG	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	805
A.GW.x.MDS	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	239
A.IN.07.NNVA	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----TC-A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----TC-A-----C-----T-----T-----	-----GTCG--TGTTTCACC--G-GT--C-----	789
A.IN.95.CR1K 147	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-AT--C-----	540
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----CTCG--TGTTTCATC--G-GT--C-----	792
A.NL.01.RH2.13	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	787
A.NL.01.RH2.14	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----T-CG--TGTTTCACC--G-AT--C-----	814
A.NL.01.RH2.3	-----TG-----A-CA-----C-G-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GTG--C-----	787
A.NL.01.RH2.7	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	787
A.NL.02.RH2.5	-----TG-----CA-----C-G-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-AT--C-----	783
A.NL.03.RH2.21	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	784
A.NL.03.RH2.24	-----TG-----CA-----C-G-----G-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--G-GT--C-----	784
A.PT.x.ALI	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----G-T-A-AG-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----G-T-A-AG-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	790
A.SN.85.ROD	-----TG-----CA-----C-G-C-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCACC--G-GT--C-----	239
A.SN.86.ST_J5P4_27	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--AGT-AC-A-----	241
B.CI.88.UC1	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----TTCAATGCTCT-C--AAT-A-----	795
B.CI.x.20.56	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----TTCA-TGCTC--C-G-GTTCA-----	793
B.CI.x.EH0	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----TTCC--TGCTC--C-GA-----	791
B.FR.00.LA44	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----CTCC--TGCTC--GGAGT-----	793
B.FR.98.LA43	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-GA-----A-----T-----	-----CT-G-TGCTC--C--AC-----	793
B.GH.86.D205 ALT	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----CTCC--TGCTC--C-G-A-----	792
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----CTCC--TGCTC--C-G-A-----	792
F.US.08.Nwk08	TG-T-----A-A-CA-----C-G-----GA-----C-----AG-CA--C-----T-----T-----	-----A-A-CA-----C-G-----GA-----C-----AG-CA--C-----T-----T-----	-----ATT-GGT--C--GGC-CGAGGTCTCGGTATCA-----	225
G.CI.92.Abt96	G-----Y-G-----AC-A-----AA-----A-GT-----T-----T-----	-----Y-G-----AC-A-----AA-----A-GT-----T-----T-----	-----ACCTCG--TGTTTCGGC--GCA-----	163
AB.CM.03.03CM 510 03	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----CTCG--TGTTTCAGC--G-AT--AG-----	801
H2 01 AB.CI.90.7312A	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----TTCC--TGT-CAGC-TTAG-----	797
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----TTCC--TGT-CAGC-TTAG-----	797
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----TTCC--TGT-CAGC-TTAG-----	797
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-----G-----C-----C-G-----A-----A-----A-----C-----TC-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----TC-A-----T-----	-----TTCC--TGTTTCATC--GGCT--C-----	267
U.CI.07.07TC TNP3	T-----A-----C-G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATT-GGA-ATTCACT--A-----	287
MAC.US.x.251.1A11	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----	757
MAC.US.x.251.32H PJ5	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----G-----	758
MAC.US.x.251.BK28	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----C-----	746
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----A--GACCCTG-----	246
MNE.US.82.MNE 8	-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCG-----	239
MNE.US.x.MNE027	-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	239
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATT-GG--C-CG--G--CG-----	232
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTG--G--AT-AG-A-----	25
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT-GTAGAC-G-----GA-----G-----A-C-----C-----TC-A-A-----T-----T-----	-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT-GTAGAC-G-----GA-----G-----A-C-----C-----TC-A-A-----T-----T-----	-----CCTCG-TACTCG-TAC-----	16
SMM.US.04.G078	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCG--AC-----	22
SMM.US.04.G932	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTG--G--AT-AG-A-----	22
SMM.US.04.M923	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCG--AT-----	22
SMM.US.04.M940	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----CCTCG-TACTCGT--C-----	22
SMM.US.04.M947	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCGT--C-G-T-A-----	20
SMM.US.04.M950	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCAG--T-G-C-A-----	19
SMM.US.05.D215	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-----	758
SMM.US.06.FTq	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----TCTCG-TACTCGCTA-CAG-----	21
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-----	755
SMM.US.06.CFU212	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG--AC-----	241
SMM.US.x.F236_H4	-----R-G-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG--AC-----	726
SMM.US.x.H9	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG--AC-A-----	684
SMM.US.x.PBJ 6P6	-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-A-----	772
SMM.US.x.PGM53	-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-A-----	772
SMM.US.x.SME543	-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	422
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	422

5' LTR U5 end Lys tRNA primer binding site

MAC.US.x.239GACCCTGGT.CTGTTAGACCCCTTTCTGCTTTGGG.AAACCGAAGCA...GGAAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCTGAACAGGACTTG.AAGGAGAGTGAGAGACTCC.TGAGT.ACGGCTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGGCAGGAACCAACCACGACG	911
A.CI.88.UC2C-C-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-AG-C-T-G-AC.....A	947
A.DE.x.BENCTC-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-A-G-C-T-G-AC-T.....A	948
A.DE.x.PET2 KR KRCCCTC-G-A-G-G.....A-G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A	916
A.FR.00.LA38CT-A-G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....G.....A	948
A.FR.01.LA42CT-G-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	937
A.FR.02.LA36GomMCT-G-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....G.....A	937
A.FR.93.LA37CT-G-G.....G-A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	929
A.FR.96.LA40CT-G-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	945
A.FR.98.LA39CT-G-G.....A-C-AGTCTT-G-AC.....A	810
A.FR.98.LA41CT-G-G.....A-C-AGTCTT-G-AC.....G.....A	940
A.GH.x.GHCT-T-A-G-G.....A-G-C-AG-C-T-G-AC.....T.....A	388
A.GM.87.D194C-C-A-T-A-G-G.....A-AG-C-AG-C-T-G-AC.....A	393
A.GM.x.ISY SBL 6669 85CT-A-G-G.....G-A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	393
A.GM.x.MCN13CT-A-G-G.....A-G-A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	393
A.GW.86.FG c1one NIHZCT-A-G-GGC.....G-C-A-C-AG-C-T-G-ACA-G-G.....G.....GC	394
A.GW.87.CAM2CGCT-A-G-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....G.....A	958
A.GW.x.MDSCT-A-G-G.....A-C-AGTCTT-GA-AC.....A	392
A.IN.07.NNVACT-T-A-G-T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A	942
A.IN.95.CR1K 147CT-A-C-G.....C-AGTCTT-G-AC.....A	694
A.JP.08.NMC786 c1one 41CT-G.....G-C-AG-C-T-G-AC.....A	945
A.NL.01.RH2 13CT-A-G.....G-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	940
A.NL.01.RH2 14CT-A-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....G.....A	967
A.NL.01.RH2 3CT-A-G.....A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	940
A.NL.01.RH2 7CT-A-G.....G-C-A-AG-C-T-G-AC.....A	940
A.NL.02.RH2 5CT-T-G.....A-C-AG-C-T-G-AC.....A	936
A.NL.03.RH2 21CT-T-G.....A-C-AGTCTT-G-AC.....A	937
A.NL.03.RH2 24CT-T-G.....A-C-AGTCTT-G-AC.....A	937
A.PT.x.ALICT-G-G.....G-C-A-AGTCTA-G-AC.....A	943
A.SN.85.RODCT-A-G.....A-C-AGTCTT-G-AC.....A	392
A.SN.86.ST J5P4 27CT-A-G.....G-C-A-C-AG-C-T-G-AC.....A	394
B.CI.88.UC1C-C-G-T-G.....A-T-T-G-C.....T.....T	948
B.CI.x.20 56A-G-A-T-G.....C-G-A-T-T-G-C.....T.....T	946
B.CI.x.EH0AGA-CT-GT.....C-A-G.....C-G-A-T-T-G-GAC.....T.....T	944
B.FR.00.LA44GA-CT-GT.....CT-AG.....C-CC.....G.....T	947
B.FR.98.LA43CT-AG.....C-CC.....T-AG-C-A.....A.....T	947
B.GH.86.D205 ALTCT-G.....C-G-A-T-T-AA-C-A.....A.....T	945
B.JP.01.IMCJ KR020 1CT-G.....G-A-T-T-G-C.....G.....T	90
F.US.08.Nwk08	A.....-T-A.ACTG-CA-A-C-CTCA-AA-GC-A-CCT-AGT-A-T-G-T-C-CC-GA-CCTGAGA-A.....CAC.....C-AG-G.....G.....374	374
G.CI.92.Abt96R.G-AG-G.....C-GAAG-T-CTT-AC.....A.....T.....316	316
AB.CM.03.03CM 510 03C-G-A-T-T-AG-C-A.....C.....T.....84	84
H2 01 AB.CI.90.7312ACT-T.....G-C-CC-A-T-T-G-AC-A.....T.....T.....953	953
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20CT-T.....G-C-CC-A-T-T-G-GAC-A.....C.....T.....949	949
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01CT-T.....G-C-CC-A-T-T-AG-GAC-A.....A.....T.....950	950
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10CT-T.....G-C-CC-A-T-T-G-GAC-A.....C.....T.....950	950
U.CI.07.07TC TNP3CT-T.....A-G.....G-C-G.....G-TGA-AC-T.....A.....420	420
U.FR.96.12034	A.....A.....CT-AG.....G-C.....T-TGA-AC-T.....G.....A.....439	439
MAC.US.x.251 1A11A.....C.....C.....910	910
MAC.US.x.251 32H PJ5A.....C.....C.....911	911
MAC.US.x.251 BK28A.....C.....C.....898	898
MAC.US.x.MM142 IVMXX	GTCTGTTAG.....C.....C.....408	408
MNE.US.82.MNE 8C.....G.....392	392
MNE.US.x.MNE027C.....G.....392	392
SMM.CI.79.SIVsmCI23	3
SMM.LR.89.SIVsmLIB13	3
SMM.SL.92.SIVsmSL92AAG-A-C-A-C-CTC-GGCAACTCCTGAGT-A-T-G-T-C-AC.....GAC-T.....T.....G.....374	374
SMM.SL.92.SI92BAG-A-C-A-C-CTC-AG.....C-G.....AC.....GAC-T.....T.....G.....178	178
SMM.US.04.G078A.....G-C.....C.....T.....A.....G.....169	169
SMM.US.04.G932A.....G.....C.....C.....A.....G.....173	173
SMM.US.04.M923AG.....G.....C.....C.....A.....178	178
SMM.US.04.M940G.....G.....C.....C.....A.....174	174
SMM.US.04.M947G.....G.....C.....A.....T.....G.....175	175
SMM.US.04.M950A.....A-G.....A.....CC.....A.....G.....172	172
SMM.US.05.D215A.....C-G-T.....A.....CC.....AA.....A.....173	173
SMM.US.06.FTqC.....G.....G.....C.....A.....910	910
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10C.....G.....G.....C.....A.....174	174
SMM.US.06.CFU212A.....G.....G.....C.....A.....907	907
SMM.US.x.F236 H4S.....Y.....G.....G.....C.....C.....393	393
SMM.US.x.H9C.....G.....G.....C.....C.....878	878
SMM.US.x.PBJ 6P6C.....G.....G.....C.....C.....836	836
SMM.US.x.PGM53C.....G.....G.....C.....A.....923	923
SMM.US.x.SME543C.....G.....G.....C.....A.....923	923
STM.US.89.STM 37 16CT-T-G.....A.....C.....A.....575	575

GAGTGTCTCTATAAA.GCGGTC...CGGGTC..GGTACCAGA...GGCGCTGAGGAGC.GGGAGAGGAAGAGGCCCTCC...GGT.TGCAGGTAAGTGCAACAC...AAA...AAAGAAA.TAG...CTGTCTT.TTA.TCC..AGGAAGGGG.....TAATAAG	1040
MAC.US.x.239	1092
A.CI.88.UC2	1092
A.DE.x.BEN	1060
A.DE.x.PE12 KR KRCC	1093
A.FR.00.LA38	1080
A.FR.01.LA42	1081
A.FR.02.LA36gomM	1072
A.FR.93.LA37	1087
A.FR.96.LA40	953
A.FR.98.LA39	1082
A.FR.98.LA41	533
A.GH.x.C1	536
A.GM.87.D194	537
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	536
A.GM.x.MCN13	536
A.GW.86.FG c1one NIHZ	1101
A.GW.87.CAN2CG	536
A.GW.x.MDS	1086
A.IN.07.NNVA	837
A.IN.95.CR1K 147	1088
A.JP.08.NMC786 c1one 41	1082
A.NL.01.RH2.13	1108
A.NL.01.RH2.14	1082
A.NL.01.RH2.3	1082
A.NL.01.RH2.7	1080
A.NL.02.RH2.5	1081
A.NL.03.RH2.21	1080
A.NL.03.RH2.24	1085
A.PT.x.ALI	535
A.SN.85.ROD	537
A.SN.86.ST_JSP4_27	1073
B.CI.88.UC1	1071
B.CI.x.20.56	1069
B.CI.x.EH0	1073
B.FR.00.LA44	1071
B.FR.98.LA43	1068
B.GH.86.D205 ALT	214
B.JP.01.IMCJ KR020_1	496
F.US.08.Nwk08	457
G.CI.92.Abt96	207
AB.CM.03.03CM 510 03	1074
H2 01 AB.CI.90.7312A	1074
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	1073
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	1073
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	1073
U.CI.07.07TC_TNP3	360
U.FR.96.12034	570
MAC.US.x.251.1A11	1039
MAC.US.x.251.32H PJ5	1041
MAC.US.x.251.BK28	1028
MAC.US.x.MM142.IVMXX	538
MNE.US.82.MNE 8	520
MNE.US.x.MNE027	520
SMM.CI.79.SIVsmCI2	136
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	125
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	133
SMM.SL.92.SL92B	482
SMM.US.04.G078	298
SMM.US.04.G932	308
SMM.US.04.M923	305
SMM.US.04.M940	308
SMM.US.04.M947	302
SMM.US.04.M950	302
SMM.US.05.D215	313
SMM.US.06.FTq	1041
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	294
SMM.US.86.CFU212	1038
SMM.US.x.F256_H4	524
SMM.US.x.H9	1010
SMM.US.x.PBJ 6P6	968
SMM.US.x.PGM53	1054
SMM.US.x.SME543	
STM.US.89.STM_37_16	698

Gag and Gag-Pol start

MAC.US.x.239	ATAGAGTGGGAGATGGGCGTGAGAACTCCGTCTTGTGACGGGAAGAAAGCAGATGAATTAGAAAAAATAGGCTACGACCCCAACGGAAAGAAAAGTACATGTTGAAGCATGTAGTATGGCAGCAAAATGAATTAGATAGATTGGATTAGCAAAAGCCTGTTGGAGAA	1210
Gag	M G V R N S V L S G K K A D E L E K I R L R P N G K K K Y M L K H V V W A A N E L D R F G L A E S L L E N	
A.CI.88.UC2	..TT-----C-AG-A-G-C-----T-G-GG-----G-A-A-A-T-G-----G-C-----CA-----TC	1260
A.DE.x.BEN	..TT-----C-AG-A-A-C-----G-T-G-GG-----G-A-A-A-T-G-----G-C-----CA-----TC	1260
A.DE.x.PE12 KR KRCC	..TT-----C-G-----AG-A-T-----G-T-G-GG-----G-A-A-A-T-G-----G-GC-A-C-----G-----TC	1228
A.FR.09.LA38	..TT-----C-G-----AG-A-T-----G-T-G-GG-----G-A-A-A-T-G-----G-C-----CA-----TC	1261
A.FR.01.LA42	..TT-----C-G-----C-AG-A-GCT-----G-T-G-GG-----G-G-----CGC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----TC	1248
A.FR.02.LA36gomM	..TT-----C-----CG-A-A-----C-T-G-GG-----G-G-----GAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----TC	1249
A.FR.93.LA37	..TT-----C-G-----AG-A-----G-T-G-GG-----G-GA-----GA-A-A-A-T-G-----G-C-----A-C-----TC	1240
A.FR.96.LA40	..TT-----C-----AA-A-----C-G-T-G-GG-----A-T-GAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-T-----TC	1255
A.FR.98.LA39	..TT-----C-----AA-A-----TT-----C-T-G-GG-----A-TCA-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1171
A.FR.98.LA41	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-GG-----G-A-TGA-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1250
A.GH.x.GH1	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-G-----G-C-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	701
A.GM.87.D194	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-G-----G-GA-----G-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	704
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	..TT-----C-A-----AG-A-G-----G-T-G-GG-----G-A-----GA-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----A-----TC	704
A.GM.x.MCN13	..TT-----C-----AA-A-----C-----C-T-G-GG-----A-G-C-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	705
A.GW.86.FG c1one NIHZ	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-GG-----A-A-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	704
A.GW.87.CAM2CG	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-GG-----A-A-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1269
A.GW.x.MDS	..TT-----C-G-----AG-A-----C-----G-T-G-GG-----A-G-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	704
A.IN.07.NNVA	..TT-----C-AG-G-----C-AG-A-----T-----G-T-G-GG-----A-GAG-A-A-T-G-----G-C-----C-----A-----TC	1254
A.IN.95.CRIK 147	..TT-----C-AG-G-----C-AG-A-----T-----G-T-G-GG-----A-GAC-A-A-T-G-----G-C-----C-----A-----TC	1005
A.JP.09.NMC786 c1one 41	..TT-----C-G-----C-AG-A-----G-----G-T-G-GG-----A-GAC-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1256
A.NL.01.RH2.13	..TT-----C-G-----C-AG-A-----G-----G-T-G-GG-----A-GAC-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1250
A.NL.01.RH2.14	..TT-----C-G-----C-AG-A-----G-----G-T-G-GG-----A-G-A-A-A-T-G-----G-G-----C-----G-----TC	1276
A.NL.01.RH2.3	..TT-----C-G-----C-AG-A-----G-----G-T-G-GG-----G-A-----GAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-A-----TC	1250
A.NL.01.RH2.7	..TT-----C-G-----C-AG-A-----G-----G-T-G-GG-----A-GAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1250
A.NL.02.RH2.5	..TT-----C-G-----C-AG-A-----C-----G-T-G-GG-----A-G-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1248
A.NL.03.RH2.21	..TT-----C-G-----AG-A-----C-----C-T-G-GG-----A-TAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1249
A.NL.03.RH2.24	..TT-----C-G-----AG-A-----C-----C-T-G-GG-----A-GAC-A-A-A-T-G-----G-C-----C-----G-----TC	1248
A.PT.x.ALI	..TT-----C-----AG-GA-----C-----G-C-T-G-GG-----A-TCA-C-A-A-A-T-G-----G-A-----G-C-----C-----G-----TC	1253
A.SN.85.RD0	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-C-T-G-GG-----G-C-A-A-A-T-G-----G-A-----G-C-----C-----G-----TC	703
A.SN.86.ST_JSP4_27	..TT-----C-----AG-A-----C-----G-T-G-GG-----A-T-G-C-A-A-A-T-G-----G-A-----G-C-----C-----G-----TC	705
B.CI.88.UC1	..TA-----C-G-----A-----G-T-G-GG-----G-TTGTC-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----G-----TC	1241
B.CI.x.20.56	..TA-----C-GG-----A-----GA-----G-T-G-GG-----G-TTGTC-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----G-----TC	1239
B.CI.x.EH0	..TA-----C-----GA-----A-----G-T-G-GG-----G-TTGTC-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----G-----TC	237
B.FR.00.LA44	..TA-----C-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-T-A-C-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----A-----TC	1241
B.FR.98.LA43	..CA-----C-GG-----A-----A-----G-T-G-GG-----T-G-C-A-A-A-----TG-C-----C-----C-----G-----TC	1239
B.GH.86.D205 ALT	..TA-----C-GG-----C-----A-----A-----G-T-G-GG-----T-C-A-A-A-----TG-C-----C-----C-----G-----TC	1236
B.JP.01.IMCJ KR020 1	..TA-----C-GG-----A-----A-----A-----G-T-G-GG-----A-TTGTC-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----A-----TC	382
F.US.08.NMK08	..T-C-----C-T-----A-----A-----G-T-G-GG-----T-A-A-A-A-----A-G-C-----C-----G-----GA-----A-----664	
G.CI.92.Abt96	..T-----C-G-----C-----A-----T-----G-T-G-GG-----A-T-A-A-A-T-G-----G-C-----G-----C-----G-----ATC	623
AB.CM.03.03CM 510 03	..TA-----C-G-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-T-A-A-A-----TG-C-----G-----C-----G-----ATC	375
H2 01 AB.CI.90.7312A	..TA-----C-GG-----C-----A-GA-----G-T-G-GG-----A-A-A-A-----C-----C-----G-----A-----ATC	1242
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	..TA-----C-GG-----C-----A-GA-----G-T-G-GG-----A-A-A-A-----C-----C-----G-----A-----ATC	1242
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	..TA-----C-GG-----C-----G-A-----G-T-G-GG-----G-A-A-A-----C-----C-----G-----G-----ATC	1241
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	..TA-----C-GG-----C-----A-GA-----G-T-G-GG-----G-A-A-A-----C-----C-----G-----G-----ATC	1241
U.CI.07.071C TNP3	..TT-----C-C-----C-----A-T-----GG-T-G-----G-C-A-A-A-T-R-----G-C-----G-----G-----ATC	728
U.FR.96.12034	..TT-----C-----T-----G-T-G-----G-A-A-A-A-T-G-----G-C-----G-----C-----GC	739
MAC.US.x.251.1A11C-----GG-----	1209
MAC.US.x.251.32H.PJ5C-----GG-----	1211
MAC.US.x.251.BK28C-----GG-----	1198
MAC.US.x.MM142.IVMXXA-----GG-----	708
MNE.US.82.MNE.8C-----GG-----G-----	690
MNE.US.x.MNE027C-----GG-----G-----	690
SMM.CI.79.SIVsmC12	..G-T-----C-G-----A-----C-----G-T-G-GG-----A-G-----A-A-C-T-G-----G-C-----G-----T-----TC	306
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	..TA-T-----C-G-----A-----C-----G-T-G-GG-----G-----G-----A-A-G-----G-C-----G-----C-----T-----AG	295
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	..ATTT-----C-G-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-----G-----T-A-GA-----G-C-----C-----C-----ATC	303
SMM.SL.92.SL92B	..A-C-----C-GG-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-----G-----C-T-----A-TA-----C-GA-----C-----CG-----A-G	650
SMM.US.04.G078	..AG-----C-G-----A-----C-----G-T-TT-----A-G-GA-----T-A-----G-----G-----C-----G-----A-G	476
SMM.US.04.G932C-----A-----A-----G-T-G-GG-----GA-----G-GA-----A-----G-----G-----C-----A-C	468
SMM.US.04.M923C-----G-----A-----G-T-G-GG-----GA-----G-A-----T-----C-----G-----C-----G-----473	
SMM.US.04.M940	..AG-----C-G-----A-----A-----G-T-G-GG-----GA-----G-A-----T-----C-----G-----C-----G-----476	
SMM.US.04.M947C-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----473	
SMM.US.04.M950C-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----472	
SMM.US.05.D215C-GT-----A-----A-----G-T-G-GG-----A-G-A-A-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----470	
SMM.US.06.FT0	..TA-----C-G-----A-----GA-----GG-T-G-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----483	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----C-----C-----C-----G-----G-----A-R	1209
SMM.US.86.FU212	..A-----A-----C-G-----A-----GG-T-G-----G-----G-----T-----G-----C-----C-----C-----G-----A	462
SMM.US.x.F236.H4C-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----T	1206
SMM.US.x.H9T-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----692	
SMM.US.x.PBJ.6P6C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----1178	
SMM.US.x.PGMS3C-----T-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----1178	
SMM.US.x.SNES43C-----T-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----1222	
STM.US.89.STM_37_16	..AG-----C-G-----A-----A-----G-T-G-GG-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----TC	866

	CAAGAAGGATGTCAAAATACTTTCCGGCTTAGCTCCATTAGTGCCAAAGGCTCAGAAAATTTAAAGCCCTTATAACTGCTGCTGCTCATCTGGTGCATTACGCAGAGAGAAAGTAAACACACTGAGGAAGCAAAACAGATAGTCGACAGACCTAGTGG	1380
	K E G C Q K I L S V L A P L V P T G S E N L K S L Y N T V C V I W C I H A E E K V K H T E E A K Q I V Q R H L V	
A.CI.88.UC2	A-----T-----C-----G-----T-----CA--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----A-----G-----A-----AC--A-----T-----	1430
A.DE.x.BEN	A-----T-----C-----G-----T-----CAGA--T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----GA--AC--CA-----T-----	1430
A.DE.x.PE12 KR KRCC	A-----G-----T-----C-----TA--A--A--T-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	1398
A.FR.00.LA38	A-----G-----T-----C-----TA--A--A--CT-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----	1411
A.FR.01.LA42	A-----G-----T-----C-----TA--A--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----T-----AC-----T-----C-----A-----G-----T-----	1418
A.FR.02.LA36gomM	A-----G-----T-----C-----TA--A--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----	1419
A.FR.03.LA37	A-----C-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----AG-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----	1410
A.FR.96.LA40	A-----T-----C-----CA--G-----T-----A--A--T-----AA-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----C-----	1425
A.FR.98.LA39	A-----G-----T-----C-----TA--CA--A--T-----AA-----A-----G-----G-----T-----GG-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----AG-----A-----T-----	1391
A.FR.98.LA41	A-----T-----C-----G-----T-----CA--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----GG-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----	1420
A.GH.x.GH1	A-----T-----C-----G-----T-----CA--A--T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----	871
A.GM.87.D194	A-----T-----C-----G-----T-----AAA--T-----AA-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----	874
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	A-----T-----C-----TA--A--A--T-----AA-----A-----G-----G-----T-----AC-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----GA--AC--CA-----T-----	874
A.GM.x.MCN13	A-----T-----C-----G-----T-----A--A--T-----G-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----	875
A.GW.86.FG c1one NIHZ	A-----T-----C-----G-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----	874
A.GW.87.CAM2CG	A-----T-----C-----G-----T-----AAA--T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----AGA-----AGG-----T-----	1439
A.GW.x.MDS	A-----G-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----CA--G-----	874
A.IN.07.NNVA	A-----G-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	1424
A.IN.95.CRIK 147	A-----G-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	1175
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A-----T-----C-----G-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----	1426
A.NL.01.RH2 13	A-----T-----CG-----T-----AGA--T-----AA-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----T-----AC-----CT-----A-----A-----A-----	1420
A.NL.01.RH2 14	A-----T-----C-----T-----CA--A--T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----	1446
A.NL.01.RH2 3	A-----T-----CG-----T-----AG-----AA-----C--G-----G-----G-----G-----T-----G-----T-----T-----CT-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----	1420
A.NL.01.RH2 7	A-----T-----CG-----T-----AAA--TC--AA-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----T-----T-----CT-----A-----A-----	1420
A.NL.02.RH2 5	A-----T-----C-----T-----CA--A--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----	1418
A.NL.02.RH2 21	A-----T-----C-----T-----AAA--T-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----T-----T-----G-----	1419
A.NL.03.RH2 24	A-----T-----C-----C-----T-----AG--A--T-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----	1418
A.PT.x.ALI	A-----T-----C-----G-----T-----AAA--T-----AA-----A-----G-----A-----G-----T-----AG-----T-----T-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----	1423
A.SN.85.RD0	A-----G-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----	873
A.SN.86.ST JSP4 27	A-----G-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----AG-----	875
B.CI.88.UC1	A-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----AC-----T-----G-----	1411
B.CI.x.20 56	A-----C-----T-----CG-----T-----GGAAA-----GA-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----C-----T-----C-----G-----	1409
B.CI.EH0	A-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----AC-----T-----G-----	1407
B.FR.00.LA44	A-----TT-----T-----AAA--C-----T-----AA-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----T-----AT-----C--G-----G-----T-----A-----A-----	1411
B.FR.98.LA43	A-----T-----C-----T-----AAA-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----ACA--G-----	1409
B.GH.86.D205 ALT	A-----C-----C-----T-----A-----AA-----A-----A-----G-----T-----T-----TC-----T-----TT-----C--G-----G-----T-----A-----CA-----	1406
B.JP.01.IMCJ KR020 1	C-----G-----T-----AGAA--T-----A--C-----A-----A-----G-----TT--G-----AG-----T-----TT--G-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----	834
F.US.08.NMK08	A-----T-----C-----T-----A--A--T-----A-----A-----T-----G-----G-----TT--G-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----AG-----T-----T-----	793
G.CI.92.Abt96	A-----C-----T-----AAA-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----TC-----C--G-----	542
AB.CM.03.03CM 510 03	A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----CA-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----CA-----C-----T-----	1412
H2 01 AB.CI.90.7312A	A-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----CA-----C-----T-----	1412
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	A-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----CA-----C-----T-----	1412
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	A-----G-----T-----AAA-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----CA-----C-----T-----	1411
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	A-----G-----T-----A-----C--C-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----CA-----C-----T-----	1411
U.CI.07.071C TNP3	A-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----T-----AC-----T-----T-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----AC-----A-----T-----	898
U.FR.96.12034	TT--A--G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----T-----C-----	909
MAC.US.x.251 1A11		1379
MAC.US.x.251 32H PJ5		1381
MAC.US.x.251 BK28		1368
MAC.US.x.MM142 IVMXX		878
MNE.US.82.MNE 8		860
MNE.US.x.MNE027		860
SMM.CI.79.SIVsmC12	A-----T-----C-----TT--G--A--T-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----	476
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	A-----T-----G-----TT--G--A--G-----T-----C-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----AT-----A-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----	465
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-----T-----G-----T--AG--A--AC-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----AG-----T-----TC--G-----AT-----G-----A-----T--GA--A--C-----A-----C-----T-----	473
SMM.SL.92.SL92B	C-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----G-----AG-----T-----TC--G-----AT-----G-----A-----T--GA--A--C-----A-----C-----T-----	820
SMM.US.04.G078	A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----TC-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----	646
SMM.US.04.G932	T-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----	638
SMM.US.04.M923	T-----C-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----A-----G-----A-----A-----T-----	643
SMM.US.04.M940	T-----G-----T-----A-----T-----AA-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----	646
SMM.US.04.M947	T-----T-----G-----T-----A-----T-----AA-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----	643
SMM.US.04.M950	T-----T-----G-----TA-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----AG-----T-----	642
SMM.US.05.D215	T-----T-----G-----TA-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----	640
SMM.US.06.F10	T-----T-----C-----T-----A-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----	653
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	T-----T-----R-----T-----A-----T-----ACA-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----Y-----T-----Y-----A-----T-----	1379
SMM.US.86.CFU212	T-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----T-----Y-----T-----Y-----A-----T-----	632
SMM.US.x.F236_H4	T-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----	1376
SMM.US.x.H9	T-----T-----T-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----	862
SMM.US.x.PBJ 6P6	T-----T-----TA-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----	1348
SMM.US.x.PGM53	T-----T-----TA-----A-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----	1306
SMM.x.SNES43	T-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	1392
STM.US.89.STM 37 16	A-----G-----TA--AA-----AA-----T-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----C-----T-----A-----G--G--AA-----T-----T-----	1036

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.09.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510_03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM_37_16

Table with columns for sequence alignment and positions. Header: Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start. Reference sequence: TGGAAACAGGAAACACAGAAACTGCCAAAAACAGTAGACCAACAGCACCATCTAGCGGGCAGAGGAGAAATTACCCAGTACAACAATA...GGTGGTAATGTGCCACCTGCCATTAAGCCCGAGAACATTAATGCTGGGTAATATGATAGAGAAAAGAAA 1547. Rows list various HIV-2/SIV strains and their corresponding nucleotide alignments.

Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	TTTGAGCAGAGTAGTGCCAGGATTTTCAGGCACCTGTGCAAGAGTTGCACCCCTATGACATTAATCAGATGTTAAATTTGTGGGAGACCATCAAGCGGCTATGCAGATTATCAGAGATATTATAAACGAGGAGGCTGCAGATTGGACATTCAGCACCCA.....CA	1711
Gag	F G A E V V P G F Q A L S E G C T P Y D I N Q M L N C V G D H Q A A M Q I I R D I I N E E A A D W D L Q H P Q	
A.CI.88.UC2	-C-G-.....G-.....C-.....G-.....T-C-.....A-C-T-.....C-T-.....A-A-C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-G-.....TGC-.....	AT 1761
A.DE.x.BEN	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1761
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1761
A.FR.00.LA38	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1762
A.FR.01.LA42	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1740
A.FR.02.LA36gomM	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1750
A.FR.03.LA37	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1741
A.FR.96.LA40	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1756
A.FR.98.LA39	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1622
A.FR.98.LA41	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1757
A.GH.x.GH1	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1205
A.GM.87.D194	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1205
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1205
A.GM.x.MCN13	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1206
A.GW.86.FG clone NIHZ	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1199
A.GW.87.CAM2CG	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1770
A.GW.x.MDS	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1205
A.IN.07.NNVA	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1755
A.IN.95.CRIK 147	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1506
A.JP.08.NMC785 clone 41	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1757
A.NL.01.RH2.13	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1751
A.NL.01.RH2.14	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1777
A.NL.01.RH2.3	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1751
A.NL.01.RH2.7	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1751
A.NL.02.RH2.5	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1759
A.NL.03.RH2.21	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1750
A.NL.03.RH2.24	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1749
A.PT.x.ALI	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1754
A.SN.85.ROD	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1204
A.SN.86.ST_JSP4_27	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1206
B.CI.88.UC1	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1727
B.CI.x.20.56	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1725
B.CI.x.EH0	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	TC 1723
B.FR.00.LA44	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1727
B.FR.98.LA43	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	TC 1725
B.GH.86.D205 ALT	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	TC 1722
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	TC 868
F.US.08.NWK08	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AG 1159
G.CI.92.Abt96	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1124
AB.CM.03.03CM_510_03	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	TC 858
H2_01_AB_C1_90_7312A	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	GT 1728
H2_01_AB_JP_04_NMC307_20	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	GT 1728
H2_01_AB_JP_07_NNC716_01	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1727
H2_01_AB_JP_08_NNC842_10	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	AT 1733
U.CI.07.071C_TNP3	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1229
U.FR.96.12034	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	A-1240
MAC.US.x.251.1A11	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1710
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1712
MAC.US.x.251.BK28	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1699
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1209
MNE.US.82.MNE.8	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1191
MNE.US.x.MNE027	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1191
SMM.CI.79.SIVsmC12	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	A-807
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	796
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	804
SMM.SL.92.SL92B	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1151
SMM.US.04.G078	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	977
SMM.US.04.G932	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	969
SMM.US.04.M923	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	974
SMM.US.04.M940	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	977
SMM.US.04.M947	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	974
SMM.US.04.M950	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	973
SMM.US.05.D215	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	971
SMM.US.06.F10	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	987
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	CAG-C 1710
SMM.US.86.FU212	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	C 963
SMM.US.x.F236.H4	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1707
SMM.US.x.H9	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1193
SMM.US.x.PBJ.6P6	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1679
SMM.US.x.PG053	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1677
SMM.US.x.SNE543	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	1723
STM.US.89.STM_37_16	-C-G-.....G-.....C-.....C-.....G-.....T-.....A-C-T-.....C-T-.....C-.....A-.....A-.....G-.....T-.....A-A-A-.....C-.....T-C-.....	CAA-C 1370

MAC.US.x.239

Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.FR.00.PE12 KR KRCC
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA366omM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.5
A.NL.02.RH2.2
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.NWk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM.37_16

ACCAGCTCCA...CAACAAGGACAACCTAGGGAGCGCTCAGGATCAGATATTGTCAGGAACAACACTGTTTCAGTAGAGAACAAATCCAGTGGATGTCAGACAAACAGAACCCATACACAGTAGGCAACATTTACAGGAGATGGTCCAACTGGGGTTCGAAAAATGTGTCA 1878
P A P . Q Q G Q L R E P S G S D I A G T T S S V D E O I Q W M Y R O O N P I P V G N I Y R R W I O L G L Q K C V
---GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-----A-CA-----G-G-----T-G-G-A-T-G-G-G-G-G-C-T-A-----GA-A-C-G-G-C-----1931
---GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-C-AAG-G-T-C-A-----A-CA-----G-G-----T-G-C-A-T-G-G-G-G-G-C-T-A-----GA-A-C-G-G-C-----1931
---GC-CTTG-C-GCG-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-AC-G-G-G-C-----1899
---GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-AC-G-G-G-C-----1922
---GC-CCTG-C-GC-G-G-A-A-ACGG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-----TT-GGC-A-T-TG-C-A-C-T-A-----GA-A-AC-G-G-G-C-----1910
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-A-G-----TT-GC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-----G-G-G-----1920
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-G-A-CA-----A-G-G-----TT-GGC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-C-----1911
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----C-G-----TT-GC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-C-A-G-G-G-C-----1926
C---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GGC-A-T-G-----A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-C-----1792
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-R-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-----TT-GC-A-T-TG-----A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-C-----1921
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-ACGG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----T-G-C-A-T-G-G-G-G-G-C-T-A-----GA-A-C-A-G-G-G-----1375
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-ACGG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-----T-G-C-A-T-G-G-G-G-G-G-G-C-----GA-A-C-A-G-G-----1375
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-T-ACG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-A-----T-G-G-A-T-TG-----A-C-T-----GA-A-AC-G-G-G-----1375
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GC-A-T-G-----G-A-C-T-----GA-A-AC-G-G-G-----1376
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GC-A-T-TG-----A-C-T-----GA-A-AC-G-G-G-----1369
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-C-A-C-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-A-----TT-GGC-A-T-G-----G-G-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1940
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----T-GCC-A-T-TG-----G-A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1375
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-G-----TT-GC-A-T-TG-----G-A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1925
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-----TT-GC-A-T-TG-----G-A-C-T-A-----GA-A-AC-G-G-G-----1676
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-AAGG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-G-G-CA-T-G-G-G-G-G-G-C-----A-G-A-C-A-G-G-----1927
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-----TT-GC-CA-T-G-G-G-G-G-G-C-----T-G-A-A-C-G-G-G-----1921
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-G-----TT-GGC-A-T-G-----A-C-T-----GA-A-C-G-G-G-----1947
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-A-----TT-GC-A-T-G-----G-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1921
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----G-G-G-----TT-GGC-A-T-G-----G-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1921
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-G-----TT-GGC-A-T-AG-----A-C-T-A-----GA-A-C-G-G-G-----1919
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----T-G-C-A-T-A-----G-A-AC-G-G-G-----1920
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----T-GCC-A-T-A-----G-G-C-T-A-----GA-A-AC-G-G-G-----1919
---GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----T-GC-G-T-TG-G-----G-C-T-A-----GA-A-C-A-G-G-G-----1924
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-A-A-ACGG-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-----TT-GC-A-T-TG-----A-C-T-A-----GA-A-A-C-G-G-G-----1374
---GC-CTTA-C-GCG-G-G-G-C-A-AAGG-T-C-A-----G-A-CA-----A-G-G-----TT-G-C-A-T-TG-----A-G-C-T-A-----GA-A-C-A-G-G-G-----1376
---G-CTG-C-GC-----C-CAG-G-----A-----C-C-CA-----G-----A-----GGC-A-T-TG-T-G-----G-----A-----T-A-A-C-G-G-----C 1897
---G-CTG-C-GC-----C-CAG-G-----A-----C-C-CA-----G-----A-----GGC-A-T-TG-T-G-----G-----A-----T-A-A-C-G-G-----C 1895
G---GC-ATG-C-GC-G-----C-A-C-AAGG-G-----G-C-A-G-----C-C-CA-----G-----A-----GGC-A-T-TG-C-----G-A-C-T-A-G-----T-A-A-C-G-G-----C 1893
---GC-CTG-C-GC-----C-CAG-G-----A-----C-C-CA-----G-----A-----GGC-A-T-TG-T-G-----G-----A-----T-A-A-C-G-G-----C 1897
---GC-CTG-C-GCG-----G-C-A-C-AAGG-G-----G-C-A-G-----C-C-CA-----G-----A-----GGCC-A-T-T-C-----T-A-----T-A-A-C-G-G-----C 1895
---GC-ATG-C-GCG-----C-AAG-G-----A-----C-C-CA-----G-----A-----GGCC-A-T-TG-C-----G-A-----T-A-----T-A-A-C-G-G-----C 1892
G---GC-ATG-C-GC-----C-AAG-G-----C-----A-----C-CA-----G-G-G-----A-----G-CC-A-T-T-C-----G-A-----T-A-----T-GT-A-C-G-G-----C 1038
G-AGCTA-G-.GC-CTCCGGG-GC-C-----G-----A-----C-C-A-T-A-G-----AG-----T-----GGA-T-TG-C-----AC-A-----T-G-A-A-A-----A 1326
A---GG-GCCG-C-GC-M-C-A-A-----A-----G-C-C-A-A-A-----T-----CAC-----G-G-A-T-TG-T-G-----A-T-Y-T-A-----RT-A-AC-T-----C 1294
---GC-CTG-C-GC-----G-A-C-AAGG-----A-G-C-C-CA-----G-G-A-----GGGC-A-T-T-C-----G-A-----T-A-----T-A-A-G-----C 1028
G---G-CTG-C-GC-----C-CAG-----A-----G-C-C-CA-----G-G-A-----GGGT-A-GT-T-C-----G-G-----T-A-----T-G-A-A-G-G-G-----C 1898
---G-CTG-C-GC-----A-C-CAG-----A-----G-C-C-CA-----G-----A-----GGGT-A-TT-C-----G-G-----T-A-----T-A-A-G-----C 1898
---G-CTG-C-GC-----C-A-C-CAG-----A-----G-C-C-CA-----G-----A-----GGGT-A-TT-G-C-----G-G-----T-A-----T-A-A-G-----C 1897
---G-CTG-C-GC-----C-AAG-----A-----G-C-C-CA-----G-----A-----GGGT-A-TT-G-C-----G-G-----T-A-----T-A-A-G-----C 1903
---T-GC-CTA-C-GC-G-G-A-A-TAGG-G-----C-A-----C-C-CA-G-G-A-G-----A-----T-G-A-----T-----G-A-----C-----T-A-AC-C-----1399
C-A-GC-----CCA-C-GC-G-G-A-AAG-T-----T-----CA-----G-A-G-G-A-----G-CG-A-T-A-----G-G-T-----C-TC-----T-----CC-A-----T 1410
-----G-----1877
-----G-----1879
-----G-----1866
-----A-----A-----A-----1376
-----A-----C-----1358
-----A-----A-----1358
TGT-GG-TTG-CGGC-GT-G-A-A-AGT-C-C-----A-A-G-----G-A-----T-G-----T-G-----C-T-----T-----A-A-C-A-G-----977
G---GC-ATA-C-GC-G-----A-CG-T-C-A-T-C-C-----A-G-----G-A-----A-----GGC-A-T-TG-T-----T-A-----T-----T-A-A-C-G-----966
G---GC-CTC-C-GC-G-----A-AAG-T-C-A-----C-CA-----A-G-----A-----GGCTGCC-----C-G-G-----C-C-C-----T-A-T-A-----974
G-AGC-GG-GCAA-CGGCT-GGG-A-A-A-----C-A-G-----CA-CCC-AG-----G-AG-A-----T-GGC-A-AG-C-----G-AG-----C-T-A-G-----G-AC-C-----1321
G---GC-CTA-C-GC-G-----C-A-A-AAGG-C-T-A-----C-C-CA-----G-A-----G-A-----T-A-----T-A-----T-AC-G-----1147
G---GC-ATA-C-GC-G-----C-AAG-----G-C-----A-G-A-----T-----T-G-A-----T-----T-C-----A-----T-A-----1139
G---GC-GCTA-C-GC-G-----G-G-A-AAG-C-T-C-A-----C-CA-----A-----T-----T-G-G-A-----T-----G-T-----A-G-----GT-A-C-G-----A 1144
G-A-GC-GTTA-C-GC-G-----G-C-A-AAGG-C-T-C-A-----C-C-A-----A-----T-----T-G-G-A-----T-----G-T-----T-A-----T-C-G-G-----1147
G---GC-ATA-C-GC-G-----A-T-AAG-----C-----T-CA-----A-----T-A-----T-G-G-A-----T-----T-----A-G-----T-A-C-----A 1144
G---GC-TTG-C-GC-G-----C-A-AAG-----C-----C-A-----G-A-G-----T-----T-G-----T-----G-----G-----T-A-A-G-G-----1143
G---GC-GCTA-C-GC-G-----G-C-A-AA-G-T-C-----C-C-A-----G-A-G-----T-----G-G-A-----T-----G-----A-G-----T-A-----1141
GATG-GC-ATA-C-GC-G-----G-C-A-C-AAG-----C-----T-CA-----G-G-G-AG-A-----T-G-G-A-----T-----T-C-----A-G-----G-T-C-A-----1157
G---GC-CCA-C-GC-G-----A-AAG-----C-----T-A-----C-CA-----G-A-----T-----G-A-----T-----A-----T-A-----C-G-----A 1880
---G-ATA-C-GC-----G-----C-AAG-R-----A-----C-C-CA-----G-A-----T-----G-G-A-----T-----G-----A-----C-T-A-G-----T-----A-----G 1133
---G-CTA-C-GC-G-----A-AAG-----C-----T-A-----A-----G-A-----T-----G-A-----T-----G-----A-----T-A-G-----T-A-C-----A 1877
G---GC-ATA-C-GC-G-----A-AAGR-----C-----T-CA-S-----C-----T-A-----Y-G-G-A-----T-----C-R-----G-----T-A-C-----C-A 1363
G---GC-GATA-C-C-----A-AAG-----C-----T-CA-----C-----T-A-----Y-G-G-A-----T-----C-A-----G-----T-A-C-----G-----A 1849
G---GC-ATA-C-GC-G-----C-A-T-AAG-----C-----T-A-----G-A-----T-----T-G-----G-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----1807
---G-CTA-C-GC-G-----A-AAG-----C-----T-A-----G-A-----T-----T-G-----G-----A-----C-----T-----G-----T-A-C-----G-----A 1893
---G-G-GCTG-C-GC-G-----A-A-AAGC-G-----A-----G-T-----C-CC-G-----T-A-----C-G-A-----T-T-----G-----A-----C-----T-----A-C-A-----1540

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsm1TB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PG853
SMM.US.x.SNE843
STM.US.89.STM 37_16

```
GAATGTAATACCCAACAACATTCTAGATGTA AAAACAAAGGCCAAAAGAGCCATTTCAGAGCTATGAGACAGTTCTACAAAAGTTTAAAGCAGAACAGACAGATGCAGCAGTAAAGAATTGGATGACTCAAACTCTGATTCAAAATGCTAACCCAGATTGCAAG 2048
R M Y N P T N I L D V K O G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E O T D A A V K N W M T Q T L L I Q N A N P D C K
C - G - G - C - T - C - G - G - A - A - T - G - A - C - A - T - C - G - G - G - A - G - C - G - G - G - A - G - A - G - C - T - A - 2101
A - C - T - C - T - C - T - C - T - C - A - G - G - A - A - G - A - G - C - A - T - C - G - G - A - C - C - G - A - C - C - G - A - G - C - C - 2101
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - G - A - G - G - G - C - A - C - T - A - C - C - G - A - C - C - G - A - G - C - C - T - A - 2069
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - G - A - G - G - G - C - A - A - C - T - A - C - C - G - A - G - A - G - C - C - T - A - 2102
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - A - G - A - G - A - T - G - C - C - A - C - G - A - G - C - G - A - G - C - C - T - A - 2080
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - A - G - A - G - A - T - G - C - A - T - A - G - C - C - G - G - G - A - C - C - G - A - 2090
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - A - G - A - G - A - G - A - T - G - C - A - T - A - G - C - C - G - G - G - A - C - C - G - 2081
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - A - G - A - G - A - G - T - G - C - A - T - T - A - G - C - G - G - G - A - G - C - C - 2096
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - C - A - G - A - G - G - T - G - C - A - T - T - A - G - C - G - G - A - C - C - G - 2068
G - C - T - C - T - C - T - C - G - C - C - C - C - C - A - G - A - G - G - T - G - C - A - T - A - G - C - G - G - A - C - C - G - 2091
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - C - G - G - G - A - G - A - G - C - G - A - T - G - C - G - G - A - G - C - C - G - 1545
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - G - G - G - A - G - A - G - C - A - G - A - T - C - C - G - G - A - C - C - G - T - A - 1545
G - C - T - C - T - C - T - C - C - A - G - G - A - A - T - G - C - A - T - G - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - T - A - 1542
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - C - A - T - A - G - A - C - A - T - T - A - C - G - G - A - C - C - G - A - 1546
G - C - T - C - T - C - T - C - C - A - T - A - G - A - G - A - C - A - T - T - A - C - G - G - A - C - G - G - A - A - G - C - 1539
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - G - A - G - A - G - T - C - A - A - C - A - T - A - C - G - G - A - C - C - G - A - 2110
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - G - A - G - A - G - T - C - A - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - A - 1545
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - C - A - G - A - G - C - A - T - A - G - C - G - G - A - C - G - A - 2095
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - C - A - G - A - G - A - G - C - A - T - A - T - G - C - G - G - A - C - C - 1846
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - G - A - G - G - C - A - T - A - T - G - C - G - G - A - C - C - G - G - C - 2091
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - G - A - G - T - G - C - A - T - A - T - C - G - G - A - C - C - G - G - C - 2117
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - G - A - G - T - G - C - A - C - T - A - G - C - G - G - G - A - C - C - G - C - 2091
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - G - A - G - A - T - G - C - A - C - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - 2091
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - G - A - G - A - G - T - G - C - A - C - T - A - C - C - G - G - A - C - C - 2090
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - A - G - A - G - A - T - C - A - C - T - A - C - C - G - G - A - G - C - T - 2089
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - A - G - A - G - A - G - T - C - A - C - C - C - G - G - A - C - C - A - 2094
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - A - G - A - G - G - C - A - T - T - A - C - G - G - A - C - C - G - A - 1544
G - C - T - C - T - C - T - C - C - C - C - C - A - G - A - G - G - C - A - T - T - A - G - C - G - G - A - C - C - A - 1546
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - A - G - A - G - G - A - C - A - T - T - A - G - C - G - G - A - C - 2067
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - C - A - G - G - G - A - T - C - A - C - A - T - C - C - G - G - A - 2063
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - C - A - G - G - A - G - A - C - C - A - T - A - G - C - C - G - 2067
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - C - A - G - G - A - G - A - C - C - A - T - A - G - G - C - C - 2065
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - C - A - G - C - A - C - A - T - A - C - C - G - A - C - C - G - A - 2108
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - C - G - T - C - G - A - C - A - G - T - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - A - 1496
G - Y - T - C - T - C - C - C - C - C - A - A - C - T - C - T - T - A - G - C - R - G - A - A - T - C - G - A - A - G - A - A - G - 1464
G - C - T - C - T - C - T - C - A - T - G - C - A - G - G - A - A - C - C - A - T - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - A - G - 1198
G - C - T - C - T - C - T - A - A - G - C - A - C - C - A - G - T - A - G - C - C - G - G - A - G - C - C - G - G - A - G - 2068
G - C - T - C - T - C - T - A - A - C - C - A - C - A - T - A - G - C - C - G - A - G - C - G - G - A - G - C - G - G - A - 2068
G - C - T - C - T - C - T - A - A - C - C - A - C - A - T - A - C - C - G - A - C - C - G - C - C - G - G - A - G - 2067
G - C - T - C - T - C - T - A - A - C - C - A - C - A - T - A - C - C - G - A - G - C - C - A - G - C - G - A - G - C - G - 2073
G - C - T - C - T - C - T - C - G - C - G - C - A - G - T - T - T - A - G - C - G - G - G - G - C - C - G - G - A - A - 1569
G - C - T - C - T - C - T - C - T - C - T - A - G - G - T - A - T - T - A - G - G - A - C - C - G - G - A - C - A - G - G - 1580
----- C ----- A ----- 2047
----- G ----- C ----- A ----- 2049
----- C ----- A ----- C ----- 2036
----- C ----- A ----- C ----- 1546
----- G ----- C ----- A ----- C ----- 1528
----- C ----- A ----- C ----- 1528
----- G ----- A ----- G ----- C ----- G ----- T ----- G ----- A ----- C ----- G ----- G ----- A ----- A ----- G ----- C ----- T ----- 1147
G - T - C - C - G - G - G - C - C - G - T - G - C - G - G - A - C - G - G - A - A - G - C - T - C - T - 1136
G - T - T - G - G - G - G - G - C - G - T - T - A - G - G - G - A - C - G - G - A - C - G - T - C - T - 1144
G - C - T - G - G - G - C - G - A - C - G - T - T - A - G - C - G - A - C - C - G - A - G - G - C - T - C - T - 1144
G - C - T - G - G - G - C - G - T - T - G - C - C - A - T - T - A - G - G - G - C - G - G - A - A - G - G - C - C - T - A - 1491
G - T - T - G - C - C - G - A - G - C - A - T - C - T - G - G - G - A - C - C - G - G - A - A - G - C - C - T - A - 1317
G - T - T - G - G - G - A - G - T - C - A - C - T - A - G - C - A - C - C - G - A - C - G - A - G - A - C - G - C - T - A - 1309
G - T - T - G - G - G - A - G - T - C - A - C - T - A - G - T - G - G - A - C - C - G - A - C - C - G - A - C - G - C - T - A - 1314
G - T - T - G - C - C - G - A - C - C - A - C - T - A - G - T - G - G - A - C - C - G - G - A - G - G - C - C - T - A - 1317
G - T - T - G - G - A - G - C - A - C - T - A - G - C - G - A - C - G - A - C - G - A - C - G - A - C - T - A - 1314
G - T - T - G - G - C - A - G - A - T - A - T - A - G - C - G - A - C - C - A - A - G - G - C - T - 1313
G - T - T - G - G - A - A - T - A - G - G - G - A - C - C - A - A - G - G - C - C - T - 1311
G - T - T - G - G - A - A - T - A - G - C - T - A - T - C - G - G - G - A - C - G - G - G - A - C - G - A - G - 1327
G - T - T - G - G - A - C - A - T - A - T - C - G - G - G - A - C - G - G - A - G - G - C - G - A - 2050
G - T - T - G - G - A - C - A - T - C - T - A - T - C - R - R - A - C - R - W - G - G - C - C - Y - T - A - 1303
G - T - T - G - G - A - C - A - C - T - A - C - G - R - R - A - C - C - W - C - C - Y - T - A - 2047
G - T - T - G - G - A - T - A - C - T - A - G - C - G - S - G - A - C - C - G - C - T - A - 1533
G - T - T - G - G - A - T - A - C - T - A - G - C - C - T - A - C - C - G - G - A - G - C - G - C - T - A - 2019
G - T - T - G - G - A - G - G - C - C - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - G - A - C - C - T - 1977
G - T - T - G - G - A - G - C - C - T - A - C - C - G - G - A - C - C - G - G - A - C - C - T - 2063
----- C - T - G - T - T - C - G - G - A - A - G - C - A - T - G - G - A - G - C - T - G - A - G - G - A - T - C - A - 1710
```

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NwK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SI92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.86.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM_37_16

Table with columns: Gag p24 Capsid end, Gag p2 Spacer start, Gag p2 Spacer end, Gag p8 Nucleocapsid start. Rows list various HIV-2/SIV strains and their corresponding nucleotide sequences.

Gag-Pol -1 ribosomal slip site

Pol start

Gag p8 Nucleocapsid end_F Gag p1 Spacer start

AAAG CCAATTAAGTGTGAATGTGGAAAGAGGGCACTCTGCAAGGCAATGCAGAGCCCAAGAAGACAGGGATGTGGAAAATGTGAAAAATGGACCATGTATGGCCAAATGCCAGACAGACAGGGGTTTTTATGGCCTTGGTCATGGG 2373

K P I K C W N C G K E G H S A R Q C R A P R R Q G C W K C G K M D H V M A K C P D R Q A G F F L R P W S M G

A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12.KR.KRCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA44
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG.clone.NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK.147
A.JP.08.NMC786.clone.41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.IMJ.KR020_1
F.US.08.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20
H2.01.AB.JP.08.NMC716.01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.02.MNE.0
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LI.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36comM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM 37_16

CAGCGTGTAGAAGTACTGGATACAGGGGCTGATGATTCTATTGTAACAGGAATAGAGTAGGTGCACATTATACCCAAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTTATTAATACAAAGAATACAAAAATGTAGAAAATAGAAGTTTTAGGCAAAAGGATTAAGGGAC 2775
Q P V E V L L D T G A D D S I V T G I E L G P H Y T P K I V G G G I G G F I N T K E Y K N V E I E V L G K R I K G T
-G-----C-A-A-G-----GGACA-C-T-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-G-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2858
-G-----C-A-C-----C-A-A-G-----A-----GGACA-C-T-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2858
-A-----C-----C-A-A-G-----G-----GAGCA-C-T-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----G-T-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2826
-A-----T-GT-A-C-G-----C-A-A-G-----GAGCG-C-GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-G-T-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2856
-A-----T-G-A-C-G-A-----C-A-A-G-----GAGTG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----G-G-T-----A-CC-AA---G-A-G-CC- 2837
-A-----T-G-A-C-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----GG-T-----C-A-T---AG-A-G-CC- 2847
-A-----CT-----C-A-A-G-----GAGCA-C-GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----G-T-----C-----A-AC---A-G-A-G-CC- 2847
-A-----T-GT-A-C-----C-A-A-G-----GAGCG-C-GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-G-----A-AC-AA---A-G-A-G-CC- 2853
-G-----TC-T-A-C-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----A-AC-AA---G-A-G-CC- 2728
-A-----T-GT-A-C-A-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----A-G-A-G-----A-G-A-G-CC- 2847
-G-----C-T-A-C-----C-A-A-GG-----C-----GGACA-CGTT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----GATT-----A-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2302
-G-----C-A-C-A-----C-A-A-G-----GGACA-C-T-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----A-G-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2302
-A-----T-A-C-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-G-----A-AG-GC-AAT---AG-A-G-CC- 2399
-A-----TC-G-A-C-G-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-G-T-----A-----CC-T---A-G-A-GG-CC- 2303
-A-----T-GT-A-C-A-----C-A-A-G-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----CC-T---A-G-A-G-CC- 2396
-A-----T-GT-A-C-----C-A-A-G-----A-----GAGCA-----G-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----G-----G-----CC-T---G-A-GG-CC- 2867
-A-----T-G-C-----C-A-A-G-----A-----AAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-G-T-----G-----CC-T---A-G-GG-CC- 2302
-A-----T-G-A-C-----C-A-A-G-----A-----AAGTG-----AT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----CC-T---A-G-A-GG-CC- 2852
-A-----T-A-C-----C-A-A-G-----A-----AAGTA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----CC-T---A-G-A-GG-CC- 2603
-A-----C-T-A-C-A-----C-A-A-G-----GAGCA-C-T-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----CC-T---A-G-A-GG-CC- 2854
-A-----C-T-A-C-----C-A-A-G-----C-----GAGTG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----G-T-----C-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2848
-A-----TC-----C-A-A-G-----A-----AAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----A-----CC-T---AG-A-G-CC- 2874
-A-----T-----C-A-A-G-----A-----GGTG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2848
-A-----T-A-C-A-----C-A-A-G-----GAGTG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2848
-A-----T-----C-A-G-----C-A-A-G-----GAGCA-----TT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----G-T-----G-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2846
-AG-A-----T-CC-----C-A-A-G-----GAGCG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----G-T-----A-----G-----A-G-A-G-CC- 2847
-G-A-----G-CC-T-A-----C-A-A-G-----GAGTG-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-----G-T-----G-----A-G-AAT---AG-A-G-CC- 2846
-A-G-----T-A-C-----C-A-A-G-----GAGCA-C-----G-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----TG-G-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2851
-A-----C-GT-A-C-----C-A-A-G-----GAACA-----G-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----C-G-T-----A-----A-AC-AAT---AG-A-G-CC- 2304
-A-----T-G-A-C-----C-A-A-G-----CG-----GAGCA-----GT-----G-G-----G-A-C-A-C-C-----T-----AG-A-----AAT---AG-A-G-CC- 2303
-A-G-----A-C-----A-A-G-----A-----AGCA-----C-----G-G-----G-C-A-C-----C-----G-----AG-G-A-----AG-A-GG-CA- 2839
-AT-A-----G-A-C-A-----C-A-A-G-----A-----CAGCA-----C-----T-G-----T-G-----A-----C-----T-----G-----AG-A-----AG-A-G-CA- 2829
-A-----G-A-C-----A-A-G-----A-----AGCA-----C-----G-----A-C-A-----C-----G-----AG-A-----A-G-A-G-CA- 2839
-A-----T-A-C-A-----C-A-A-G-----A-----AGCA-----C-----G-----A-C-A-----C-----G-A-----AG-G-A-----AG-A-G-CA- 2837
-T-A-----A-C-A-----C-A-A-G-----A-----AGCA-----C-----G-----G-C-A-----C-----G-----AG-G-A-----AG-A-GG-CA- 2834
-AT-A-----A-C-A-----C-A-A-G-----A-----AGTG-----C-----AG-----A-C-A-----C-----G-----AG-A-----A-A-G-CA- 1980
-A-C-G-----C-G-A-----A-----C-A-GG-----G-----A-----A-TTA-----C-AG-----G-----T-----A-----A-----A-----C-T-----A-----AC-----TAG-----A-----GAA-----A-----CA- 2211
-A-----C-T-A-C-----C-A-A-G-----A-----AAGTA-----GT-----A-----A-----C-----TA-----GG-----A-----A-----AC-G-CT- 2185
-A-----A-C-R-----C-A-A-G-----A-----AY-----AGCA-----C-----G-R-----G-----A-----C-----G-----AG-G-A-----CAG-A-GG-CA- 1970
-A-----G-A-C-----C-A-A-G-----A-----AAGCA-----C-----G-----G-C-A-----G-----CA-----AG-----A-----A-G-A-GGTCA- 2840
-A-----G-A-C-----C-A-A-G-----G-----A-----AAGCA-----C-----G-----G-C-A-----G-----G-----G-----CA-----AG-----A-----G-A-G-CA- 2840
-A-----C-A-C-----C-A-A-G-----G-----A-----ATGCA-----C-----G-----G-C-A-----C-----G-----G-----CA-----AG-----A-----G-A-G-CA- 2839
-A-----G-C-A-C-----C-A-A-GG-----A-----AAGCA-----C-----G-----A-C-A-----C-----C-----G-----G-----CA-----A-----AG-----A-----G-A-G-CA- 2845
-G-----T-A-C-----C-A-A-GG-----A-----AGT-A-----CA-----T-----C-----A-----T-----C-----T-----AC-----G-G-A-G-C-GG-CC- 2290
-A-A-A-----C-A-C-----C-A-A-G-----G-TA-A-----AA-----T-----CT-----G-A-----A-G-C-----A-A-----TTC-----A-C-----A-G-----CA-----G-----T- 2340
-----A-----G----- 2774
-----T----- 2776
-----T-----A----- 2751
-----T-----A----- 2261
-----C-----T-----A-----G----- 2243
-----C-----C-----T-----G----- 2243
-A-----C-T-----A-----A-----A-GG-----A-----G-T-GG-----A-----G-T-----G-----G-A-----GG-G-----C-----A-T-----CC-----T-----AG-A----- 1895
-G-----T-A-C-----C-A-A-G-----A-----A-A-----A-----G-T-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----AC-----G-----A-----GG-A----- 1854
-G-----T-A-C-----C-A-A-G-----A-----ATT-A-----AA-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----TA-----TC-----G-----GAAG-A-G-CC- 1856
-CC-----G-TC-----C-----A-C-C-A-G-----G-----GGG-----C-A-----G-----T-----G-----G-----T-----A-C-A-----A-----T-----G-----CA-----A-----GGTA-----A-G-AA- 2206
-G-----G-----T-----C-----C-A-A-GG-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----A-----C-----C-----G-----TC-----G-----A-----C-----G-----A-----G-A----- 2035
-C-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----A----- 2024
-C-----G-----T-----C-----A-----C-A-GG-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----A----- 2035
-G-----G-----T-----C-----A-----C-GG-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGT-----G-----A----- 2029
-C-----G-----A-C-----C-A-A-G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----A----- 2028
-G-----GC-----A-C-----A-----C-A-A-G-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----GC-----A-----A-----A----- 2029
-A-----T-A-C-----C-A-A-G-----A-----ATT-A-----G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----T-----CA-----GG-----A----- 2057
-C-----T-A-C-----C-A-A-G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A----- 2765
-G-----T-A-C-----C-A-A-G-----G-----A-----AA-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----T-----G-----A-----AC-----G-----A-----G-----A----- 2021
-C-----T-A-C-----C-A-A-G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----AC-----G-----A----- 2762
-CA-----T-A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----A----- 2248
-C-----T-A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----A----- 2734
-C-----T-A-----A-----GG-----G-----AC-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A----- 2692
-C-----T-A-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A----- 2778
-----C-----T-----C-----C-A-A-GG-----G-----C-----G-T-A-----C-----GG-----T-----A-----A-----G-----TT-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----AA-----A-----A----- 2422

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

Table with 4 columns: Accession ID, Sequence alignment, and Position. Includes sequences from MAC.US.x.239, B.CI.88.UC2, B.CI.x.20.56, B.CI.EH0, B.FR.00.LA44, B.FR.98.LA43, B.GH.86.D205.ALT, B.JP.01.IMCJ.KR020.1, F.US.08.NMK08, G.CI.92.Abt96, AB.CM.03.03CM.510.03, H2.01.AB.CI.90.7312A, H2.01.AB.JP.04.NNC307.20, H2.01.AB.JP.07.NNC716.01, H2.01.AB.JP.08.NNC842.10, U.CI.07.07IC.TNP3, U.FR.96.12034, MAC.US.x.251.1A11, MAC.US.x.251.32H.PJ5, MAC.US.x.251.BK28, MAC.US.x.MM142.IVMXX, MNE.US.02.MNE.8, MNE.US.x.MNE027, SMM.CI.79.SIVsmCI2, SMM.LR.89.SIVsmL1B1, SMM.SL.92.SIVsmSL92A, SMM.SL.92.SL92B, SMM.US.04.G078, SMM.US.04.G932, SMM.US.04.M923, SMM.US.04.M940, SMM.US.04.M947, SMM.US.04.M950, SMM.US.05.D215, SMM.US.06.F10, SMM.US.11.SIVsmE660_FL10, SMM.US.86.CFU212, SMM.US.x.F236.H4, SMM.US.x.H9, SMM.US.x.PBJ.6P6, SMM.US.x.PGMS3, SMM.US.x.SNES43, STM.US.89.STM.37.16

MAC.US.x.239	Pol	EVQLGIPHPAAGLAKRKRITVLDIGDAYFSIPLDEEERFRQYTAFTLLPSVNNNAEPGKRY	3284
A.CI.88.UC2	A	A	3367
A.DE.x.BEN	A	A	3367
A.DE.x.PE12 KR KRCC	A	A	3355
A.FR.00.LA38	A	A	3365
A.FR.01.LA42	A	A	3346
A.FR.02.LA36gomM	A	A	3356
A.FR.03.LA37	A	A	3356
A.FR.96.LA40	A	A	3362
A.FR.98.LA39	A	A	3357
A.FR.98.LA41	A	A	3366
A.GH.x.GH1	A	A	2811
A.GM.87.D194	A	A	2811
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	A	A	2808
A.GM.x.MCN13	A	A	2812
A.GW.86.FG clone NIHZ	A	A	2805
A.GW.87.CAM2CG	A	A	3376
A.GW.x.MDS	A	A	2811
A.IN.07.NNVA	A	A	3361
A.IN.95.CRIK 147	A	A	3112
A.JP.08.NMC786 clone 41	A	A	2812
A.NL.01.RH2.13	A	A	3357
A.NL.01.RH2.14	A	A	3383
A.NL.01.RH2.3	A	A	3357
A.NL.01.RH2.7	A	A	3357
A.NL.02.RH2.5	A	A	3356
A.NL.03.RH2.21	A	A	3356
A.NL.03.RH2.24	A	A	3355
A.PT.x.ALI	A	A	3360
A.SN.85.ROD	A	A	2813
A.SN.86.ST_JSP4_27	A	A	2812
B.CI.88.UC1	A	A	3348
B.CI.x.20.56	A	A	3343
B.CI.x.EH0	A	A	3338
B.FR.00.LA44	A	A	3348
B.FR.98.LA43	A	A	3346
B.GH.86.D205 ALT	A	A	3340
B.JP.01.IMCJ KR020 1	A	A	2490
F.US.08.NWk08	A	A	2720
G.CI.92.Abt96	A	A	2694
AB.CM.03.03CM_510_03	A	A	2479
H2.01.AB.CI.90.7312A	A	A	3349
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	A	A	3349
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	A	A	3348
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	A	A	3354
U.CI.07.07IC TNP3	A	A	2799
U.FR.96.12034	A	A	2849
MAC.US.x.251.1A11	A	A	3283
MAC.US.x.251.32H.PJ5	A	A	3285
MAC.US.x.251.BK28	A	A	3260
MAC.US.x.MM142.IVMXX	A	A	2770
MNE.US.82.MNE.8	A	A	2752
MNE.US.x.MNE027	A	A	2752
SMM.CI.79.SIVsmC12	T	T	2404
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	A	A	2363
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A	A	2365
SMM.SL.92.SL92B	A	A	2715
SMM.US.04.G078	A	A	2544
SMM.US.04.G932	A	A	2533
SMM.US.04.M923	A	A	2538
SMM.US.04.M940	A	A	2544
SMM.US.04.M947	A	A	2538
SMM.US.04.M950	A	A	2537
SMM.US.05.D215	A	A	2538
SMM.US.06.F10	A	A	2566
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A	A	3274
SMM.US.86.CFU212	A	A	2530
SMM.US.x.F236.H4	A	A	3271
SMM.US.x.H9	A	A	2757
SMM.US.x.PBJ.6P6	A	A	3243
SMM.US.x.PGMS3	A	A	3201
SMM.US.x.SNES43	A	A	3287
STM.US.89.STM_37_16	A	A	2931

MAC.US.x.239	
Pol	
A.CI.88.UC2	
A.DE.x.BEN	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	
A.FR.00.LA38	
A.FR.01.LA42	
A.FR.02.LA36gomM	
A.FR.03.LA37	
A.FR.96.LA40	
A.FR.98.LA39	
A.FR.98.LA41	
A.GH.x.GH1	
A.GM.07.D194	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	
A.GM.x.MCN13	
A.GW.86.FG c1one NIHZ	
A.GW.87.CAM2CG	
A.GW.x.MDS	
A.IN.07.NVVA	
A.IN.95.CR1K 147	
A.JP.09.NMC786 c1one 41	
A.NL.01.RH2 13	
A.NL.01.RH2 14	
A.NL.01.RH2 3	
A.NL.01.RH2 7	
A.NL.02.RH2 5	
A.NL.03.RH2 21	
A.NL.03.RH2 24	
A.PT.x.ALI	
A.SN.85.ROD	
A.SN.86.ST JSP4_27	
B.CI.88.UC1	
B.CI.x.20 56	
B.CI.x.EH0	
B.FR.00.LA44	
B.FR.98.LA43	
B.GH.86.D205 ALT	
B.JP.01.IMCJ KR020 1	
F.US.08.NMK08	
G.CI.92.Abt96	
AB.CM.03.03CM 510 03	
H2 01 AB.CI.90.7312A	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	
U.CI.07.07IC TNP3	
U.FR.96.L2034	
MAC.US.x.251 1A11	
MAC.US.x.251 32H PJ5	
MAC.US.x.251 BK28	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	
MNE.US.02.MNE 8	
MNE.US.x.MNE027	
SMM.CI.79.SIVsmC12	
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	
SMM.SL.92.SI92B	
SMM.US.04.G078	
SMM.US.04.G932	
SMM.US.04.M923	
SMM.US.04.M940	
SMM.US.04.M947	
SMM.US.04.M950	
SMM.US.05.D215	
SMM.US.06.F10	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	
SMM.US.86.FU212	
SMM.US.x.F236 H4	
SMM.US.x.H9	
SMM.US.x.PBJ 6P6	
SMM.US.x.PGM53	
SMM.US.x.SNE543	
STM.US.89.STM 37_16	

TTTTAAGGTTCTGCGTCAGGGATGAAGGGGTCCACCGCCACTCTTCCAATACACTAGAGACATGTGCTAGAACCCCTTCCAGGAGGCAAAATCCAGATGTGACCTTAGTCCAGTATATGGATGACATCTTAATAGCTAGTACAGGACAGACCCTGGAAACATGACAGGGTA	3454
I Y K V L P Q G W K G S P A I F Q Y T M R H V L E P F R K A N P D V T L V Q Y M D D I L I A S D R T D L E H D R V	
-----CT-A-A-A-G-----A-----A-T-T-T-A-----G-GA-CT-----T-A-A-C-----C-T-C-CA-C-----T-G-DTT-A-G-----AA-G 3537	
-----A-A-CT-A-A-A-----A-----A-T-T-T-A-----G-A-CT-----T-A-A-C-----C-CTT-CA-C-----T-----T-----A-G-TT-A-G-----AA-G 3537	
-----A-A-CT-A-A-A-----A-A-G-----A-T-T-C-----A-----G-G-CT-----G-A-----C-----C-CTT-CA-T-----A-----T-----A-G-----AAGC 3505	
-----A-C-CT-A-A-----A-A-----A-T-T-----A-----G-G-CT-----A-----A-GA-----GAG-----C-TTA-CA-T-----CG-----T-----C-----C-----T-----A-G-----AA- 3538	
-----A-A-CT-A-A-----A-A-----A-T-T-----C-A-----G-GA-TT-----A-A-----C-AG-----C-TTA-CA-T-----C-----T-----T-----A-G-----A-G 3516	
-----A-C-A-CT-G-A-----A-A-A-----A-T-T-GC-----A-----G-A-----A-A-----A-A-----C-----C-TT-CA-T-----C-----T-----C-G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G 3526	
-----A-A-CT-AAT-----G-----A-----A-T-T-C-----A-----G-AA-A-----A-A-----A-A-----G-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----A-----A-----G 3532	
-----A-A-CT-A-A-----A-A-----A-T-T-C-----A-----G-AA-CT-----T-A-----A-C-----AG-----C-TT-CA-T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G 3536	
-----A-CT-A-A-A-----A-A-----A-T-T-T-----C-A-----G-CT-----T-A-----A-C-----C-----CTT-CA-A-----A-----C-----T-----T-----GTT-A-G-----AA----- 2981	
-----A-C-CT-A-A-----A-A-----A-T-T-T-----TG-----G-AA-CT-----T-A-----A-C-----C-----CTT-CA-A-----A-----C-----T-----G-GTT-A-G-----AA----- 2981	
-----A-C-A-CT-A-A-----A-----A-T-T-----A-----G-A-CT-----A-A-----A-A-----C-----CTT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G 2978	
-----A-C-A-CT-A-A-----G-----A-----A-T-T-----A-----G-G-CT-----A-A-----A-A-----C-----CTT-CA-T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G 2975	
-----A-A-CT-A-G-----A-A-----A-T-T-G-----A-----G-G-CT-----G-A-----A-A-----CT-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----A-----A-----AA-G 3546	
-----A-A-CT-A-A-----A-----A-T-T-----A-----G-G-CT-----A-A-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----C-----T-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----2981	
-----A-C-CT-A-----A-----A-T-T-----A-----GA-GA-CT-----G-A-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----T-----CA-----AA----- 3531	
-----A-A-CT-A-A-----A-----A-T-T-----A-----G-GA-CT-----G-A-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3282	
-----A-C-A-CT-A-A-----A-----A-T-T-----GG-----A-----G-GA-CT-----A-A-----A-A-----CT-G-----CTT-CA-T-----C-----T-----T-----GTT-A-G-----A-----G 3527	
-----A-C-A-CT-A-A-----G-----A-----A-T-T-----A-----G-G-CT-----G-A-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G 3533	
-----A-C-A-CT-A-A-----A-----A-T-T-----GG-----A-----G-GA-CT-----A-A-----A-A-----CT-G-----CTT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3527	
-----A-C-A-CT-A-A-----G-----A-----A-T-T-----GG-----A-----G-GA-CT-----A-A-----A-A-----CT-G-----CTT-CA-T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----G 3527	
-----A-A-CT-AAT-----A-----A-----A-T-T-C-----A-----G-AA-CT-----A-----TC-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----CG-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3526	
-----A-C-CT-A-A-----A-----A-----A-T-T-----A-----G-GA-CT-----A-----A-A-----C-G-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3526	
-----A-A-CT-A-A-----A-----A-----A-T-T-----A-----G-GA-CT-----A-----A-A-----C-T-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3525	
-----A-A-CT-A-G-----A-----A-----A-T-T-C-----A-----G-AA-CT-----G-A-----A-A-----C-AG-----C-TT-CA-T-----A-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G 3530	
-----A-A-CT-A-A-----A-----A-----A-T-T-C-----A-----G-AA-CT-----A-----A-A-----CAAG-----C-TT-CA-T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----G 2983	
-----A-A-CTCA-----A-----A-----A-T-T-G-----A-----G-G-CT-----A-----A-A-----C-G-----A-C-TT-CA-T-----C-----T-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----G 2982	
-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----G-----AT-----T-----A-----A-----C-----CAGC-----C-TT-CA-T-----C-----T-----C-----T-----A-----A-----GT-----T-----G----- 3518	
-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C-----GAG-----R-----A-----T-----T-----A-----G----- 3508	
-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----GA-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----GAT-----C-----T-----A-----A-----R----- 3518	
-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----AT-----C-----T-----A-----C-----CAAC-----C-----T-----T-----A-----A-----GT-----T-----A-----G----- 3516	
-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----AGT-----A-----T-----GT-----T-----C-----A-----G-----AT-----T-----T-----A-----C-----CAGC-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----C----- 3510	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----CG-----AG-----GA-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----GAT-----C-----A-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----A-----GT-----T-----A-----G----- 2660	
-----G-----A-----AT-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----GGC-----A-----GCTAG-----A-----G-----A-----A-----T-----C-----TTC-----G-----A-----C-----C-----GC-----G-----A-----T-----ACACAGCA-----TCA-----A-----G 2890	
-----C-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----C-----GAG-----R-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----TCA-----A----- 2864	
-----A-----A-----A-----R-----R-----C-----A-----T-----T-----C-----GA-----G-----AT-----T-----A-----A-----C-----CAGC-----C-----TA-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----GT-----T-----G----- 2649	
-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----C-----T-----A-----GT-----T-----A-----T-----A----- 3519	
-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----T-----A-----GT-----TT-----A-----G-----T-----A----- 3519	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----GA-----A-----C-----A-----A-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----C-----T-----A-----GT-----TT-----A-----G-----T-----A----- 3518	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----C-----T-----A-----GT-----TT-----A-----G-----T-----A----- 3524	
-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----CGAG-----A-----T-----A-----CA-----T-----C-----TG-----C-----A-----GT-----A-----G-----A-----G 2969	
-----C-----C-----GT-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----CA-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----GA-----CTGT-----A-----A-----T-----TC-----T-----C-----T-----A-----AT-----TT-----A-----G-----TCA-----T----- 3019	
-----A----- 3453	
-----A----- 3455	
-----A----- 3430	
-----A----- 2940	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----GAG-----CT-----TA-----CA-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----AT-----TT-----G-----CAAC-----G 2574	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----G-----TT-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----AA-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----A----- 2533	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----GC-----T-----C-----A-----C-----T-----G-----T-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----T-----A----- 2535	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----GGCA-----C-----G-----G-----AT-----A-----A-----T-----C-----CTTC-----C-----T-----AC-----T-----GC-----A-----AGGCTAA-----G-----AAA-----G 2885	
-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----GC-----T-----A-----G-----AT-----G-----C-----A-----A-----CC-----A-----T-----GA-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----G----- 2714	
-----C-----C-----CT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----A----- 2703	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----CT-----G-----T-----A-----A-----TC-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----T-----AA----- 2708	
-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----AT-----G-----C-----A-----A-----TC-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----T-----AA----- 2714	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----CT-----T-----A-----A-----TC-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----G-----T-----A----- 2708	
-----C-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----G-----T-----A----- 2707	
-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----A----- 2708	
-----C-----C-----CT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----C-----A-----A-----AT-----G-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----G----- 2736	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----AT-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 3444	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----C-----T-----A-----GG-----AT-----G-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 2700	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----RC-----T-----R-----A-----AT-----T-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 3441	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----RC-----T-----R-----A-----AT-----T-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 2927	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----CT-----G-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 3413	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----AT-----G-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 3371	
-----C-----C-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----A-----A-----AT-----G-----T-----A-----A-----C-----GA-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----A-----G----- 3487	
-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----AT-----G-----A-----GA-----C-----C-----A-----TC-----GA-----A-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----A-----G----- 3101	

MAC.US.x.239 PoI	GTITTTACAGTCAAAAGGAACCTTTGAATAGCATAGGGTTTTCTACCCAGAAGAAATCCAAAAAGATCCCCATTTCAATGGATGGGGTCAAGAAATGTGGCCAAACAAAATGGAAGTTGCAACAAAGAGACCTGGACAGTGAATGATATA 3624 V L Q S K E L L N S I G F S T P E E K F Q K D P P F Q W M G Y E L W P T K W K L Q K I E L P O R E T W T V N D I Q	
A.CI.88.UC2	-CC-G-CT-A-C-A-G-C-C-G-C-G-C-C-T-T-G-C-T-G-C-T-C-G-G-A-C-AC-C-G-A-A-A-C-C-C-3707	
A.DE.x.BEN	-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-C-A-C-T-T-G-C-T-T-C-G-AC-C-AC-C-G-A-C-TA-C-C-C-3707	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-CC-G-CT-A-T-A-G-C-A-C-C-T-T-G-C-T-ACA-C-C-T-C-A-C-C-A-C-A-C-TA-C-C-C-3675	
A.FR.00.LA38	-CC-G-CT-A-G-TC-A-C-A-C-C-T-G-G-C-T-AC-C-C-T-A-C-C-C-C-C-C-AG-AGTA-C-C-3705	
A.FR.01.LA42	-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-A-C-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-C-T-C-A-T-C-C-G-AC-T-AGTA-C-C-3686	
A.FR.02.LA36gomM	-CC-G-ACT-C-A-G-C-C-A-C-T-T-G-G-C-T-AC-GC-C-T-C-A-T-T-G-A-C-T-A-AGTA-C-C-3696	
A.FR.03.LA37	-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-A-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-T-C-T-C-A-AT-C-A-C-A-C-G-A-AA-C-C-3696	
A.FR.96.LA40	-CC-G-CT-A-TC-A-G-C-A-C-T-T-T-G-G-C-T-C-C-A-T-C-T-C-A-C-A-C-AG-A-TA-C-C-3702	
A.FR.98.LA39	-CC-G-CT-A-TC-A-G-C-G-C-C-T-C-G-A-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-C-T-C-T-G-T-G-A-C-C-3697	
A.FR.98.LA41	-CC-G-CT-A-TC-A-G-C-C-C-T-C-T-C-G-G-C-T-AC-C-C-T-C-C-A-T-T-G-A-C-C-AGTA-C-C-3706	
A.GH.x.GH1	-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-C-T-T-G-G-C-T-GC-C-T-C-A-T-T-C-C-G-AT-C-AC-C-G-A-TA-C-C-3151	
A.GM.87.D194	-CC-G-ACT-A-TC-A-G-C-C-C-T-T-G-G-G-C-T-G-C-T-C-T-A-T-C-AC-G-A-C-A-T-G-A-TA-C-C-3151	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-CC-G-CT-A-TC-A-G-C-G-A-C-C-C-A-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-C-C-G-A-C-A-C-AG-AGTA-T-C-C-3148	
A.GM.x.MCN13	-CC-G-CT-A-TC-A-A-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-C-A-T-T-G-C-G-C-C-C-A-TGTA-A-C-3152	
A.GW.86.FG clone NIHZ	-CC-G-CT-A-TC-A-G-AC-A-C-C-T-T-G-G-G-C-T-A-GC-C-T-T-A-T-T-G-C-G-A-C-AGTA-C-C-3143	
A.GW.87.CAM2CG	-CC-G-CT-A-TC-A-A-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-GC-C-T-C-C-G-A-C-A-C-AG-GTG-C-C-3716	
A.GW.x.MDS	-CC-G-CT-A-C-A-G-C-C-T-T-A-G-G-C-T-AC-GC-C-T-C-C-G-A-C-C-C-A-AGTA-C-C-3151	
A.IN.07.NNVA	-CC-G-CT-A-TC-A-G-C-C-T-T-G-G-C-T-ACT-C-C-T-A-T-T-G-A-C-C-C-G-AG-GTA-C-C-3701	
A.IN.95.CRIK 147	-CC-G-CT-A-G-TC-A-G-C-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-T-T-C-A-AT-T-G-A-C-C-C-AG-GTA-C-C-3452	
A.JP.09.NMC786 clone 41	-CC-G-A-T-A-G-TC-A-G-C-G-C-C-T-T-A-G-G-G-C-T-G-C-T-T-C-A-AT-T-C-A-G-C-C-AG-AGTA-C-C-3703	
A.NL.01.RH2 13	-CC-G-CT-A-G-TC-A-G-C-G-C-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-A-C-C-C-G-A-C-AG-AGTA-C-C-3723	
A.NL.01.RH2 14	-CC-G-A-T-T-G-TC-A-G-C-G-C-C-T-T-G-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-A-C-C-C-G-A-C-AG-GTA-C-C-3697	
A.NL.01.RH2 3	-CC-G-A-T-T-G-TC-A-G-C-G-C-C-T-T-G-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-T-C-A-AT-C-C-A-C-C-G-A-TGTA-C-C-3697	
A.NL.01.RH2 7	-CC-G-CTG-A-G-TC-A-G-C-G-A-C-T-T-G-G-G-G-C-T-AC-GT-C-T-GC-A-AC-C-G-A-C-C-AG-AGTA-C-C-3696	
A.NL.02.RH2 5	-CC-G-T-A-G-TC-A-G-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-T-T-GC-C-T-T-G-AC-G-C-A-C-A-GTA-T-C-3695	
A.NL.03.RH2 21	-CC-G-T-A-G-TC-A-G-C-A-C-T-T-G-G-G-G-C-T-AC-ACA-C-T-GC-C-T-T-G-AC-G-C-A-C-GA-AGTA-C-C-3700	
A.NL.03.RH2 24	-CC-G-CTG-T-C-A-G-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-C-A-T-T-G-A-C-C-A-TA-C-C-3153	
A.PT.x.ALI	-CC-G-CTG-T-C-A-G-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-C-A-T-T-G-A-C-A-C-AG-AGTA-C-C-3152	
A.SN.85.ROD	-CC-G-CTG-T-C-A-G-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-C-A-T-T-G-A-C-A-C-C-AG-AGTA-C-C-3152	
A.SN.86.ST JSP4_27	-C-G-CT-T-C-A-G-C-G-A-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-C-T-T-C-C-GA-C-A-C-AG-AGTA-C-C-3152	
B.CI.88.UC1	-G-CC-ACT-A-G-A-A-GA-G-A-C-A-G-G-C-T-G-CA-T-T-GC-C-A-GG-AC-A-C-AC-G-AG-AGTT-C-T-3688	
B.CI.x.20 56	-A-CT-ACT-AC-A-A-GA-G-A-C-A-T-T-G-G-C-T-CA-T-T-GC-C-A-G-AC-AC-A-C-C-A-G-A-AGT-A-C-3683	
B.CI.x.EH0	-G-CT-ACT-A-G-A-A-GA-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-T-CA-T-T-GC-C-AG-C-C-A-C-AG-A-T-A-C-3678	
B.FR.00.LA44	-GC-T-ACT-AC-A-A-GA-G-AC-C-A-G-G-C-T-CA-T-T-GC-C-AG-G-AC-A-C-AA-A-G-AG-AGT-A-C-T-3688	
B.FR.98.LA43	-G-CC-A-T-A-G-A-A-A-G-A-C-A-G-A-G-C-T-T-C-CA-T-T-GC-C-G-A-G-AC-A-C-AC-G-AG-AGTT-C-T-3686	
B.GH.86.D205 ALT	-G-CC-ACT-A-GT-A-A-GA-G-A-C-A-G-A-G-C-T-T-G-CA-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-AC-G-A-AGTT-CA-T-3680	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-GC-T-ACTG-A-G-A-A-GA-G-A-C-A-G-G-C-T-G-CA-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-C-G-A-GA-A-T-2830	
F.US.08.NMK08	-AA-G-CT-A-CA-GC-T-C-AG-AGC-A-A-G-AT-G-ATAT-C-AA-G-T-T-C-AC-T-A-AC-G-A-ACCC-A-AT-AG-AGAA-T-T-3060	
G.CI.92.Abt96	-G-C-CT-AC-A-G-A-A-AA-CR-C-T-T-A-G-G-C-T-A-A-A-T-T-R-A-G-AC-A-TA-CC-MG-A-T-A-T-3034	
AB.CM.03.03CM 510 03	-G-CC-ACT-A-G-A-A-G-A-G-A-C-A-R-R-R-C-T-G-C-G-T-T-GC-Y-A-G-AC-A-C-AC-G-AG-AGTT-C-T-2819	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-G-CT-ACT-A-G-AC-A-GA-G-A-C-A-A-G-C-T-C-G-T-T-T-GC-C-AG-G-C-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3689	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-A-CT-ACT-A-GT-AC-A-GAT-A-C-C-A-G-G-C-T-C-G-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3689	
H2 01 AB.JP.07.NNC716 01	-A-CT-ACT-A-GT-AC-A-GAA-G-A-C-A-G-G-C-T-GC-C-A-G-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3688	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-A-CT-ACT-A-GT-GC-A-GA-G-A-C-A-G-G-C-T-GC-C-A-G-C-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3694	
U.CI.07.071C TNP3	-C-T-T-T-C-A-CAGC-G-C-C-T-T-G-G-G-C-T-T-A-C-AG-G-C-C-CA-T-T-G-A-GTA-T-C-T-3139	
U.FR.96.12034	-C-C-TCTG-A-C-AG-C-A-AGC-T-A-T-T-G-C-A-CACA-C-T-T-C-A-T-A-G-A-T-C-C-G-TGTT-A-C-T-3189	
MAC.US.x.251 1A11	-T-A-A-3623	
MAC.US.x.251 32H PJ5	-T-A-A-3625	
MAC.US.x.251 BK28	-CT-A-A-C-3600	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-T-A-A-AT-G-3110	
MNE.US.82.MNE 8	-T-A-A-G-3092	
MNE.US.x.MNE027	-T-A-A-T-A-3092	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GGC-CTC-GT-G-A-G-AT-G-A-CAGC-A-T-T-C-T-G-C-A-CCA-A-C-TA-G-A-AG-G-A-A-G-A-CA-A-G-G-C-GA-A-C-T-2744	
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-C-T-T-A-T-A-G-T-A-G-T-A-C-A-T-T-G-C-T-A-TA-G-A-AG-G-A-A-G-A-G-A-A-C-T-2703	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-AAC-CT-A-T-G-GATT-G-C-C-A-T-T-G-C-T-C-T-C-T-C-A-AT-T-A-A-ACCC-G-A-AGT-A-C-T-2705	
SMM.SL.92.SL92B	-AAC-T-GA-CA-TC-C-ATC-G-CAG-T-C-G-T-GA-A-A-G-A-TTG-A-AC-C-AG-G-A-A-G-A-AC-C-TG-AG-CGA-A-C-3055	
SMM.US.04.G078	-CC-G-ACT-TC-A-G-GC-A-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-A-G-T-T-GC-C-C-C-A-G-A-A-A-T-A-C-T-2884	
SMM.US.04.G932	-C-G-A-T-T-T-A-C-C-A-G-G-G-G-C-T-T-G-A-T-G-G-G-A-T-G-G-A-A-T-A-C-2873	
SMM.US.04.M923	-CC-G-A-T-TC-C-T-A-C-T-T-G-G-G-C-T-A-T-GC-C-C-G-AC-A-G-A-G-A-A-T-A-C-2878	
SMM.US.04.M940	-CC-G-ACT-TC-CG-GC-A-C-T-T-G-G-G-C-T-A-GC-C-C-G-C-A-G-AC-A-AT-A-A-T-A-C-T-2884	
SMM.US.04.M947	-G-T-T-G-TC-A-C-T-G-A-C-T-T-G-G-G-C-C-C-A-T-T-G-C-C-AC-A-A-A-A-A-C-2878	
SMM.US.04.M950	-G-CT-TC-A-G-A-C-T-T-T-G-T-T-T-G-CA-T-T-G-C-A-A-A-A-C-2877	
SMM.US.05.D215	-A-TG-A-G-A-G-C-A-C-T-T-T-G-C-T-AC-T-A-T-T-A-T-G-A-T-A-A-A-G-G-A-C-C-2878	
SMM.US.06.F1Q	-CC-G-T-A-A-C-G-C-A-C-T-T-G-G-C-T-A-T-T-T-G-A-T-T-C-A-A-C-A-A-G-A-G-A-C-T-2906	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-T-T-T-C-G-C-A-C-T-T-G-G-G-C-T-T-G-G-A-T-T-G-A-T-T-C-AC-G-A-C-A-T-G-A-C-AT-3614	
SMM.US.86.FU212	-GC-G-T-A-TC-CG-A-G-C-C-T-T-G-T-T-G-G-G-C-T-A-C-G-A-T-T-C-A-G-A-A-T-G-A-C-AT-A-C-T-2870	
SMM.US.x.F236 H4	-A-T-TC-C-T-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-CG-A-C-C-AC-G-A-A-T-G-A-C-AT-A-C-T-3611	
SMM.US.x.H9	-T-T-TC-C-T-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-T-C-C-AC-A-A-G-A-A-3097	
SMM.US.x.PBJ 6P6	-T-T-TC-C-T-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-T-C-C-AC-A-A-A-3583	
SMM.US.x.PGMS3	-T-T-TC-C-G-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-T-C-G-AC-G-A-A-3441	
SMM.US.x.SNE543	-T-T-TC-C-G-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-T-C-G-AC-G-A-A-3627	
STM.US.89.STM 37_16	-TG-C-A-ATT-A-C-T-T-T-G-G-T-T-G-A-AC-A-A-A-T-G-CGTT-C-3271	

GAAGTTAGTAGGAGTATTAATTTGGGCAGCTCAAAATTCACAGGTATAAAAACAACATCTGTAGTAAATAGAGAAAATGACTCTAACAGAGAAAGTTCAGTGGAATGAGATGCGAGAAGCAGAATATGAGGAAAAATAAATTCAGTCAGGAACAAG 3794
 K L V G V L N W A A Q I Y P G I K T K H L C R L I R G K M T L T E E V Q W T E M A E A E A E E N K I I L S Q E Q

A. AC.88. UC2
 A. DE. x. BEN
 A. DE. x. PE12 KR KRCC
 A. FR.01. LA38
 A. FR.01. LA42
 A. FR.02. LA36gomM
 A. FR.03. LA37
 A. FR.96. LA40
 A. FR.99. LA39
 A. GH. x. GH1
 A. GM.07. D194
 A. GM. x. ISY SBL 6669 85
 A. GM. x. MCN13
 A. GW.86. FG clone NIHZ
 A. GW.87. CAM2CG
 A. GW. x. MDS
 A. IN.07. NNVA
 A. IN.95. CR1K 147
 A. JP.09. NMC786 clone 41
 A. NL.01. RH2 13
 A. NL.01. RH2 14
 A. NL.01. RH2 3
 A. NL.01. RH2 7
 A. NL.02. RH2 5
 A. NL.03. RH2 21
 A. NL.03. RH2 24
 A. PT. x. ALI
 A. SN.85. ROD
 A. SN.86. ST JSP4_27
 B. CI.88. UC1
 B. CI. x. 20 56
 B. CI. x. EHO
 B. FR.00. LA44
 B. FR.98. LA43
 B. GH.86. D205 ALT
 B. JP.01. IMCJ KR020 1
 F. US.08. NMK08
 G. CI.92. Abt96
 AB. CM.03. 03CM 510 03
 H2 01 AB. CI.90. 7312A
 H2 01 AB. JP.04. NMC307 20
 H2 01 AB. JP.07. NMC716 01
 H2 01 AB. JP.08. NMC842_10
 U. CI.07. 071C TNP3
 U. FR.96. 12034
 MAC. US. x. 251 1A11
 MAC. US. x. 251 32H PJ5
 MAC. US. x. 251 BK28
 MAC. US. x. MM142 IVMXX
 MNE. US. 02. MNE 8
 MNE. US. x. HNE027
 SMM. CI.79. SIVsmCI2
 SMM. LR.89. SIVsmLTB1
 SMM. SL.92. SIVsmSL92A
 SMM. SL.92. SIVsmSL92B
 SMM. US.04. G078
 SMM. US.04. G932
 SMM. US.04. M923
 SMM. US.04. M940
 SMM. US.04. M947
 SMM. US.04. M950
 SMM. US.05. D215
 SMM. US.06. FT0
 SMM. US.11. SIVsmE660_FL10
 SMM. US.86. CFU212
 SMM. US. x. F236 H4
 SMM. US. x. H9
 SMM. US. x. PBJ 6P6
 SMM. US. x. PGH53
 SMM. US. x. SNE543
 STM. US.89. STM_37_16

MAC.US.x.239 Pol A.CI.88.UC2 A.DE.x.BEN A.DE.x.PE12 KR KRCC A.FR.09.LA38 A.FR.01.LA42 A.FR.02.LA36omM A.FR.93.LA37 A.FR.96.LA40 A.FR.09.LA39 A.FR.98.LA41 A.GH.x.GH1 A.GM.87.D194 A.GM.x.ISY SBL 6669 85 A.GM.x.MCN13 A.GW.86.FG clone NIHZ A.GW.87.CAM2CG A.GW.x.MDS A.IN.07.NNVA A.IN.95.CR1K 147 A.JP.09.NMC786 clone 41 A.NL.01.RH2 13 A.NL.01.RH2 14 A.NL.01.RH2 3 A.NL.01.RH2 7 A.NL.02.RH2 5 A.NL.03.RH2 21 A.NL.03.RH2 24 A.PT.x.ALI A.SN.85.ROD A.SN.86.ST JSP4_27 B.CI.88.UC1 B.CI.x.20 56 B.CI.x.EH0 B.FR.00.LA44 B.FR.98.LA43 B.GH.86.D205 ALT B.JP.01.IMCJ KR020 1 F.US.08.NMK08 G.CI.92.Abt96 AB.CM.03.03CM 510 03 H2 01 AB.CI.90.7312A H2 01 AB.JP.04.NMC307 20 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01 H2 01 AB.JP.08.NMC842 10 U.CI.07.07IC TNP3 U.FR.96.12034 MAC.US.x.251 1A11 MAC.US.x.251 32H PJ5 MAC.US.x.251 BK28 MAC.US.x.MM142 IVMXX MNE.US.82.MNE 8 MNE.US.x.MNE027 SMM.CI.79.SIVsmCI2 SMM.LR.89.SIVsmL1B1 SMM.SL.92.SIVsmSL92A SMM.SL.92.S192B SMM.US.04.G078 SMM.US.04.G932 SMM.US.04.M923 SMM.US.04.M940 SMM.US.04.M947 SMM.US.04.M950 SMM.US.05.D215 SMM.US.06.F10 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10 SMM.US.86.FU212 SMM.US.x.F236 H4 SMM.US.x.H9 SMM.US.x.PBJ 6P6 SMM.US.x.PGMS3 SMM.US.x.SNES43 STM.US.89.STM 37 16	AAGGATGTTATTACCAAGAAGCAAGCCATTAGAAGCCAGCGTAATAAAGAGTCAGGACAACAGTGGTCTTAAAAATCCACCAAGAAGACAAAATA.CTGAAGATAGGAAAATTGCAAAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACTATTAGCACATGTAAT 3963 E G C Y Y Q E G K P L E A T V I K S Q D N Q W S Y K I H Q E D K I # L K V G K F A K I K N T H T N G V R L L A H V I ---CAC---AG-AGA-G-G-A-A-CCA-A- A-A---G-G-G-C-A---A-A-C-C---G-C-T-C---G-G- 4046 ---A---AA-AGA-G-A-AA-CCA-A-C-A-GAC-A-A-A-C-A-G-G-C-A---G-A---A-C---G-C-T-C---G-G- 4046 -G-C---G-AA-GA---A-A-CCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-C-A---A-A---A-C---G-C-T-G---G-G- 4014 ---CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCAG-AGA-A- A-A---G-A---G-G-G-G-T-A-G---A-GA---G-C---G-C-T-G---G-G- 4044 -G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-G-T-A-G---C-A---G-A---C---G-C-T-G---G-G- 4025 -G-CAC---G-AA-GA---A-A-CCAG-GA-A- A-A---GG-A-G-G-G-T-A---C-A---G-A---C---C-T-G---G-G- 4035 -G-C---C---AA-AGA---A-A-CCA-GA-A- A-A---A-G-G-G-G-G-C-A-G---G-A---A-C---C-T-G---G-G- 4035 -G-C-C---G-AA-GA-C-G-A-A-CCA-AGA-A-T-A-A---A-G-G-A-G-G-T-A-G---G-A---G-A---C-C---C-C---G-G- 4041 -G-CAC-C---G-AG-GA---A-A-CCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---A---AG-A---C---G-C-T-G---G-G- 4045 ---CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCAG-AGA-A- A-A---G-G-G-G-G-G-T-A---A---A---A---C---G-C-T-G---G-G- 4042 ---AC---AA-AGA-G-A-AA-CCA-A-A-A- A-A---A-A---G-G-G-C-A---G-A---A-C---G-C-T-C---G-G- 3490 -G-CC-C-T-G---AAG-AGA-C---A-A-C-A-C-A---A-A---G-A---G-G-G-G-G-G-T-A---G-A---G---A-T---G-G-C- 3490 -G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-TCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-T-A---A---A---A---C---C-G-C-GT-G-G- 3487 -G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---G---A---A---C---G-C-T-G- 3491 ---CAC---G-AA-AAAG---A-A-CCAG-AGA-A- A-A---G-G-G-G-G-G-TCTCA-G-G---A---A---C---C-T-G- 3484 -G-CAC-C---G-AA-GAG---A-A-TCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-A-T-A---A---A---AC-C---C-A-T- 4055 -G-CAC-C---G-AA-AGA---A-A-CCA-GA-A- A-A---A-A---G-G-G-A-CT-A---A---G-A---C-C---C-T-G- 3490 -G-CAC---G-AA-AGA-C-G-A-A-CCA-AGAC-A- A-G-C-GG-A-T-G-G-A-C-A---A---G-A---C-C---G-C-T- 4040 -G-CAC---G-AA-GAGC---A-A-CCA-AGAC-A- A-A---G-A---G-G-G-A-C-A---G-A---G-G-A---G-C---G-C-T- 3791 ---G-C---AA-AGA-G-A-A-CCA-GA-A- A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---G---A---A---G-C---G-C-T-C- 4042 ---CAC---A-GAG---A-A-CCA-GA-A- A-A---A-A---G-G-G-A-G-T-A---A---A---C-C---G-C-T-C- 4036 -G-A-C---G-AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A- A-A---G-G-G-G-A-T-A-G---G-A---A---A---G-C---C-C-G- 4062 ---CAC---A-GAG---A-AA-CCA-AGA-T- A-A---A-G---G-A-T-A---A---G---A---A---A---G-C---C- 4036 ---CAC---AA-GAG---A-A-CC-GA-A- A-A---A-A---A-G---A-T-A---A---G---A---AG-A---C-C- 4036 -G-CAC---G-AA-GA-C-G-A-A-CCA-GA-A- C-A-A---A-A---A-G-G-G-T-A---G---G-A---AG-A---G-C- 3972 ---C-T-G---AA-GAGC---A-A-CCA-GAC-A- A-A---A-A---A-G-G-G-T-A---A---G---A---AG-A---G-C- 4033 ---C-T-G---AA-GAG---A-A-CCA-GAC-A- A-A---A-A---A-G-G-G-T-A---A---A---A---C---T-G- 4034 -G-GCAC---AA-GAG---A-A-CCA-AGA-A- A-A---A-A---A-G-G-A-T-A---G-A---G-A---A-G-A---C-C- 4039 -G-CAC---AA-AGAGC---A-A-CCA-GA-A-G- A-A---G-A---G-G-A-T-A---A---G-G-A---C-C---A-C- 3492 ---G-AA-GAGC---A-A-CCA-AGA-A- A-A---G-A---G-G-GA-T-A---A---G-A---C-C---C-C-CC- 3491 ---CC-C-A-G---GGTA-C---A-A-CAG-A-AC-TA-CA- A-A-C---T-G-G-A-T-G---T-A---A---G-T-A-C-C- 4027 -G-CC-C-A---AGTA-TC---G-A-A-GCAG-A-A-TA-CA-C- A-A-C---T-G-G-A-T-G-G-CC---A---G-T-A-C- 4022 ---C---AG---AGT-TC---A-A-GCAG-A-A-TTA-CA-C- A-A-C---G-T---GG---G-C-A---G-A---T-A- 4027 ---CC-C-A-G-G-TA-C---A-A-GCAG-A-AC-TA-CA- A-A-C---T-G-G-G-T-G-T-A---A---T-A-C-C- 4025 ---CC-C-A-G-A-GGTA-GC---A-A-CAG-A-AC-TA-CA- A-A-C---T-G-G-A-T-G-C-A---A---G-T-A-C- 4019 -G-CC-C-TA---G-A-TA-TC---A-A-CAG-A-AC-TA-CA- A-A-C---C-T-G-G-G-G-C-A-G---A---G-T-A- 3169 -G-GA-A-C-A-G-G-AG---C-T---A-A-GG-AGCA-GA-CC- GGC---A---GTTC-G-C-A-G-C-G---AG-C-A- 3399 CGCC---A-RAG---T-R---T---CAG-A-A-TTA-CA- A-A-C---G-T-G-A-G-C-A---T-A---A---C-A- 3373 ---CC-C-A-G---GGTA---A-A-CAG-A-AC-TA-CA- A-A-C---G-T-G-G-A-Y-G-G-T-A---A---G-T-A- 3158 ---C-C-A-A---GGTA-TC---A-A-GCAG-A-ACCTA-CA-C- A-A-C---T-G-G-A-T-G-G-C-A---A---G-T-A- 4028 ---CC-C-A---AGTA-TC---A-A-GCAG-A-ACTTA-CA-C- A-A-C---T-G-G-T-G-C-A---A---G-C-A- 4028 ---CC-C-A---GGTA-TC---A-A-GCAG-A-ACTTA-CA-C- A-A-C---T-G-G-T-G-C-A---G---A---G- 4027 -G-CC-C-A---AGTA-TC---A-A-GCAG-A-ACTTA-CA-C- A-A-C---T-G-G-T-G-C-A---G---A---G- 4033 -G-GGC---AGG-AAATC---A-A-GC-T-A-A-T---A-A-C-G-C-T-G-GT---GG-C-T-A---C-G---T-A- 3478 ---G---A--- 3528 ---G---A--- 3962 ---G---A--- 3964 ---G---A--- 3939 ---G---A--- 3449 ---G---A--- 3431 ---G---A--- 3431 ---GCC-T-AGG-AAAG-AAAT---A-A-GCA---A-A-T---A-A-A-C-G-A-T-GTAGT-GGG---A-G---G-C---G-TC-T-CC-G- 3083 ---C-C---AT---T---A-A-GG---A-A---GC---A-A---A-C---G-C-T-G---T---A-G---C---A---T-AG-C-A- 3042 ---C-T-G-G-AG---A-T-C---A-A---A-C---A-A-C-A---A-C---G-T---A---A---G---C---A---T-C-A- 3044 ---A-A---AG---ATG-A-GC---A-TC---A-A---AG---G---T-GT---GG-T-C-G---G-G---A---A---A---A-A-GT-C- 3394 -G-C---AT-A-CC---A-CA-G-G---C-A---C---A---G---A---G---G---A---C---A---C-A---C-AT-G- 3223 ---G---G---A---A---G---A---A---A---C---G---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---C-T- 3212 -G-C-C-T-G-G-A-A-C-G-A-A---G-A-A---T-A-A---A---G---T-G-A-GGG---A-G---T-A---A---A---C- 3217 ---G---AT-A-CC-G-A-TA-G---G---A---A---A---A---G---T-G-A-GGG---A-G---T-A---A---A---C- 3223 -G-C---T-G-A-C-G-G-A-A---G---A---A---A---A---A---G---C---T-G-GA-G-CC-T-A-G---G---A---A- 3217 ---C---T-G-A-A-G---A-T-G-G-A-C-A---T---G---C-T-G-A-T---T-A---A---A---A---C---T-GT-G- 3216 -G-C---G-AT-C---A-CA-G-G-A-C-A-T---G---C-T-G-A-T---T-A---A---A---A---C---C-GT-G- 3245 -G-C---G-A-A---A---A---G-G-A-A---T-A---A---C---C---G---T-G-T---C---C-A---A---A---A- 3953 ---C---G-A-A---A---A---A---A---T-A---A---C---C---G---T-G-T---C---C-A---A---A---A- 3209 ---C---A-A-A-G-A-A---A---T-A---A---A---A---A---G---G---A---A---A---A---A---C---C-T- 3950 -G-C---T-G-G-A-C-G-AC-A---T-A---A---A---A---A---G---A---C---T-A---A---A---C-CT- 3436 ---C-T-G-A-C-G-A-A---A---A---A---A---A---C---T---A---A---A---A---A---C-T---G- 3922 -G-C---G-A-A---A---A---A---A---A---C---G---G---A---G---C---T-A---A---A---A---C- 3880 ---C---G-A-A---A---A---A---A---A---C---G---G---A---G---C---T---A---A---A---A---C- 3966 ---GCAA-C---G---A---TC---G-A-A---G-G-AGA---T-A---C---G-A---A---A---A---A---A---A---T- 3610
--	--

Pol RT end_Pol p15 RNase H start

Table with 2 columns: Sample ID and Sequence. The table lists various HIV-2 and SIV strains such as MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2, B.CI.88.UC1, etc., followed by their corresponding nucleotide sequences aligned to a reference. The reference sequence is shown at the top: TAGTGAAGGACCCTATAGAGGGAAGAAACCTATTATACAGATGGATCATGTAATAAACAGTC... (truncated). The alignment shows gaps (dashes) where the sample sequence differs from the reference.

Pol RNase H end_p31 Integrase start

Table of HIV-2/SIV genome alignments. Header: AGGAGGAAACCAAGAAATAGACCACCTAGTTAGTCAAGGATTAGACAAGTTCTCTTC...TGGGAAAAGATAGAGCCAGCACAAGAAGAACATGATAAATACCATAGTAATGTA...AAGAAATGGTATTCAAATTTGGATTACCCAGAAATAGTGGCCAGACAGATAGTAGC 4642. Columns: Reference sequence, individual genome identifiers (e.g., MAC.US.x.259, A.CI.88.UC2), and aligned nucleotide sequences with gaps.

MAC.US.x.239
 Pol
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12 KR KRCC
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36gomM
 A.FR.03.LA37
 A.FR.96.LA40
 A.FR.98.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FG clone NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CRIK 147
 A.JP.09.NMC786 clone 41
 A.NL.01.RH2_13
 A.NL.01.RH2_14
 A.NL.01.RH2_3
 A.NL.01.RH2_7
 A.NL.02.RH2_5
 A.NL.03.RH2_21
 A.NL.03.RH2_24
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.RD
 A.SN.86.ST_JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EH0
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IMCJ KR020_1
 F.US.08.NMK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM_510_03
 H2_01_AB.CI.90.7312A
 H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
 H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
 H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.071C TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251.1A11
 MAC.US.x.251.32H.PJ5
 MAC.US.x.251.BK28
 MAC.US.x.MM142.IVMXX
 MNE.US.82.MNE.8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmC12
 SMM.LR.89.SIVsmL1B1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.F10
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.FU212
 SMM.US.x.F236.H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ_6P6
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SNES43
 STM.US.89.STM_37_16

```

ACAGACGACACTATTTCGTGTTAAAATGGCAGGCGAGATGGCCATTACACATCTACACACAGATAAGTGGTAACTTTGCTCCGAAAGTAAAGATGGTTGCATGGTGGGCAGGGATAGAGCACACCTTTGGGGTGACCATACAATCCACAGAGTCAGGGAGTAGTGG 4982
Q T A L F L L K L A G R W P I T H L H T D N G A N F A S O E V K M V A W W A G I E H T F G V P Y N P Q S O G V V
G-----C--A--C---CA-T--G--A-A--CT-G-----C---CC-C---CA-A-G---G---G---G---T-T---C---AT---A---C---A---A---A---5065
G-----C--C--A--C---CA-T--G--A-A--G-CT-G-----C---CC-C---CA-A-G---G---G---G---T-T---A---AT---A---T---A---C---A---A---5065
G--A---C--C--A--C---CA-T--G--A-A--C---G---G---G---G---G---A---G---A---T---T---A---AT---A---T---A---A---A---A---A---5033
G--A---T---C--TC---C---CA-T--G--A-A--C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---G---A---T---T---A---AT---A---T---A---A---5063
G--A---C--C--C---C---CA-T--G--A-A--C---G---G---G---G---G---C---CA-A-G---G---G---A---AT---T---A---A---G---T---A---C---G---A---5044
G--A---C--C--C---C---TA---A---A-A---C---G---G---G---G---C---CA-C-A-G---G---G---G---T---T---A---G---A---A---T---C---A---5054
G--A---C--C--A---GC---TA-T---G--A-A---G-CT-G-----C---C---CA-A-G---G---G---G---A---T---T---A---A---C---A---T---A---A---5054
A--A---C--C--A---C---CA-T--G--A-A---G-CT-G-----T---C---C---CA-C-A-G---G---G---G---T---T---A---AT---C---A---T---A---A---5060
G--C---C--C---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---G---A---T---T---A---AT---A---T---A---A---5035
G--A---G--G---C---G---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-C-A-G---G---G---A---T---T---A---AT---A---T---A---A---5064
G-----G-C--C--A---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---CT-C---CA-A-G---G---G---G---AT---T---A---AT---A---T---C---A---5059
G-----C--C--A---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---CC-C---CA-A-G---G---G---G---AT---T---A---AT---A---T---A---A---5059
G--A---C--C--A---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---A---A---T---T---A---AT---T---C---A---5041
G-----G-CT--AC-G--C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---A---A---T---T---A---AT---T---C---A---G---5041
G--A---C--C--C---C---TA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---CT-C---CA-A-G---G---G---G---T---T---A---AT---A---T---A---A---5055
G-----C--C--A---C---TA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---CA-C-A-G---G---G---G---T---T---A---AT---A---T---A---C---T---A---5061
G--A---C--C--C---C---CA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---G---G---T---T---A---AT---A---T---A---A---5055
G--A---C--C--C---C---CA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---CA-A-G---G---G---G---AT---T---C---A---AT---A---G---T---A---A---5081
G--A---C--C--A---G---TA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-C-A-G---G---G---G---T---T---C---A---A---A---A---T---5055
G-----C--C--A---C---TA-T---G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-C-A-G---G---G---G---T---T---A---AT---A---A---T---5055
G--A---C--C--A---G---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-C-A-G---G---G---A---A---T---C---A---AT---A---A---5054
G-----C--C--A---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-C-A-G---G---G---A---A---A---C---A---A---A---T---5053
G--A---C--C--A---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---G---TC---CA-C-A-G---G---G---A---T---T---A---AT---A---A---T---5058
G--A---C--C--A---G---C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---A---AT---T---A---AT---A---A---T---5058
G--A--G--C--C--AC--C---CA-T--G--A-A---C---G---G---G---C---C---CA-A-G---G---G---G---AT---T---A---AT---A---T---A---5041
-----A---T---C---C---CA---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---G---G---CG---C---AT---A---A---C---C---T---C---A---5046
-----A---T---C---C---GC---CA---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---G---G---G---C---CA-C-A---A---T---G---A---CA-C---5036
-----T---C---C---C---CA-T---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---G---G---G---C---T---A---A---A---C---C---T---C---A---5046
-----T---C---C---G---CA---C---C---G---G---C---C---CA-C-A---C---G---G---G---A---A---A---A---C---A---C---T---C---A---5044
-----T---C---C---AC---C---CA---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---AGT---A---A---C---A---C---A---A---A---T---A---C---T---C---5038
-----T---C---C---C---CA---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---G---A---CA-C---AT---AG---A---G---C---A---T---T---A---5038
-----A---G---C---C---A---G---AATT---C---AC---A---C---T---T---C---A---A---CCAA---TA---GC---AAAC---G---G---A---T---A---C---A---G---C---5046
-----A---T---C---C---A---G---C---C---C---C---C---CA-C-A---C---G---G---G---A---C---T---C---C---AG-A---A---C---C---A---A---G---5039
-----T---C---C---G---CA---R---C---C---C---C---C---CA-C-A---T---G---A---C---T---A---A---G---A---A---C---T---C---A---A---5047
-----A---T---C---C---GC---A---C---CT-G-----C---C---C---A---A---T---G---G---G---T---T---A---A---A---A---A---A---C---C---5047
-----A---C---C---G---GC---A---C---CT-G-----C---C---C---A---C---A---T---G---A---G---C---T---A---A---AT---A---C---C---5047
-----A---C---C---G---GA---A---C---CT-G-----C---C---C---A---C---A---T---G---A---G---C---T---A---A---AT---A---C---C---5046
-----G---C---C---G---GA---A---C---CT-G-----C---C---C---A---C---A---T---G---A---G---C---T---A---A---AT---A---C---C---5052
-----G---C---C---C---ACT---CT---T---G---T---C---C---CA-C-T---GA---G---G---A---T---T---C---C---AT---A---G---C---T---Y---5047
G--A---C--G--C--AC--GC-A---A---G---C---T---T---G---C---CA-C-A---G---G---A---A---T---T---T---A---A---C---T---C---G---A---C---5044
-----G-----C-----4981
-----G-----C-----4983
-----A-----G-----4958
-----A-----G-----4468
-----A-----G-----4450
-----A-----G-----4450
-----A---T---G---T---C---TA---C---CT---C---A---C---CA---C---A---G---G---A---T---C---A---A---C---T---A---A---G---G---A---5102
G--A---CT-G--CT---C---A---TA---C---T---G---G---G---G---G---A---A---T---AAC---A---G---T---A---A---C---T---A---A---A---5062
-----T---G---C---C---A---T---CA---G---A---AG---C---G---T---C---C---C---T---CA-C---C---G---G---G---A---C---TT---AG---G---A---GT---A---G---C---A---5041
-----A---T---G---C---G---A---CA---G---C---C---G---G---G---A---C---T---T---A---A---G---T---A---G---T---A---A---A---A---5042
-----G---C---C---A---A---A---G---G---G---A---A---T---C---A---A---G---G---A---A---T---T---T---A---G---A---G---C---A---5023
-----A---T---G---CT---C---A---TA---C---C---C---G---T---T---C---T---CA---A---A---G---G---A---C---T---T---A---G---A---C---A---5046
G--A---T---G---C---C---A---CA---C---C---G---T---T---C---T---CA---A---A---A---A---T---T---T---A---G---G---T---T---A---C---A---5046
-----A---G---CT---G---G---G---C---C---C---C---C---C---C---A---A---A---G---G---A---G---C---A---G---A---A---A---5046
-----A---T---G---G---A---A---C---C---T---G---T---C---C---T---CA---A---A---G---G---A---C---C---T---A---G---A---G---T---T---5046
-----A---T---C---G---A---T---A---T---C---T---G---T---C---C---T---CA---A---A---A---A---T---A---AAT---T---A---G---A---C---5046
-----A---T---G---G---A---A---T---C---C---T---G---T---C---C---T---CA---A---A---G---A---A---T---A---AAT---T---A---G---R---5046
-----A---G---C---C---A---CA---C---C---G---T---T---C---T---CA---A---A---G---A---A---T---R---T---A---G---R---T---T---5046
G--A---G---C---C---A---CA---C---C---G---T---T---C---T---CA---A---A---G---A---A---C---T---A---A---G---C---T---T---5046
-----A---G---C---C---GA---T---C---C---G---T---T---C---T---CA---A---A---G---A---A---C---T---A---A---G---C---T---5046
-----T---G-----G---G---A---A---G---C---C---G---G---G---C---CA---C---G---G---A---C---G---A---A---A---A---A---T---C---A---5046

```

MAC. US. x. 239 Pol	AAGCAATGAATCACCACTGAAAAATCAATAGATAGATAAGCAGGAAACAGCAAATTCAGTAGAACCATAGTATTAAATGGCAGTTCATTGCATGAATTTTAAAGAAGGGAGGAATAGGGGATGACTCCAGCAGAAAAGATTAAATTAACATGATCACTACAGAACA	5152
	E A M N H L K N O I D R I R E Q A N S V E T I V L M A V H C M N F K R R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q	
A. CI. 88. UC2-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5235
A. DE. x. BEN-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5235
A. DE. x. PE12 KR KRCC-T-A-C-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5203
A. FR. 00. LA38-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5238
A. FR. 01. LA42-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5214
A. FR. 02. LA36gomM-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5224
A. FR. 93. LA37-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5224
A. FR. 96. LA40-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5230
A. FR. 98. LA39-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5234
A. FR. 98. LA41-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4679
A. GH. x. GH1-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4679
A. GM. 87. D194-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4676
A. GM. x. ISY SBL 6669 85-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4680
A. GM. x. MCN13-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4673
A. GW. 86. FG clone NIHZ-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5244
A. GW. 87. CAM2CG-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4679
A. GW. x. MDS-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5229
A. IN. 07. NNVA-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4980
A. IN. 95. CR1K 147-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5231
A. JP. 08. NMC786 clone 41-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5225
A. NL. 01. RH2 13-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5251
A. NL. 01. RH2 14-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5225
A. NL. 01. RH2 3-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5225
A. NL. 01. RH2 7-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5224
A. NL. 02. RH2 5-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5223
A. NL. 03. RH2 21-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5228
A. NL. 03. RH2 24-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4681
A. PT. x. ALI-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4680
A. SN. 85. RD-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5216
A. SN. 86. ST JSP4 27-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5206
B. CI. 88. UC1-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5216
B. CI. x. 20 56-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5214
B. CI. x. EHO-R-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5208
B. FR. 00. LA44-R-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4358
B. FR. 98. LA43-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4588
B. GH. 86. D205 ALT-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4347
B. JP. 01. IMCJ KR020 1-C-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5217
F. US. 08. Nwk08-A-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5217
G. CI. 92. Abt96-T-T-A-G-A-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5222
AB. CM. 03. 03CM 510 03-C-T-A-G-G-AGC-C-A-Y-GTR-A-G-AG-T-C-R-AC-C-.....	4667
H2 01 AB. CI. 90. 7312A-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4714
H2 01 AB. JP. 04. NMC307 20-G-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5151
H2 01 AB. JP. 07. NMC716 01-G-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5153
H2 01 AB. JP. 08. NMC842 10-G-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5128
U. CI. 07. 071C TNP3-C-T-T-A-G-C-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4638
U. FR. 96. 12034-C-T-T-A-G-C-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4620
MAC. US. x. 251 1A11-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4620
MAC. US. x. 251 32H PJ5-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4272
MAC. US. x. 251 BK28-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4230
MAC. US. x. MM142 IVMXX-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4332
MNE. US. 82. MNE 8-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4583
MNE. US. x. MNE027-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4412
SMM. CI. 79. SIVsmC12	-GT-C-T-T-G-C-C-A-T-A-G-G-T-G-C-.....	4401
SMM. LR. 89. SIVsmL1B1	-G-C-T-T-G-CC-C-A-T-A-G-G-T-G-C-.....	4406
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	-C-T-T-G-AA-C-A-A-G-G-G-CC-G-AG-T-G-TAC-.....	4412
SMM. SL. 92. SIVsmSL92B	-C-G-CTTA-T-T-G-AA-C-A-A-G-G-G-CC-G-AG-T-G-TAC-.....	4406
SMM. US. 04. G078-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4405
SMM. US. 04. G932-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4406
SMM. US. 04. M923-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4434
SMM. US. 04. M940-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5142
SMM. US. 04. M947-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4398
SMM. US. 04. M950-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5140
SMM. US. 05. D215-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4625
SMM. US. 06. FT0-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5111
SMM. US. 11. SIVsmE660 FL10-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5069
SMM. US. 86. CFU212-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5155
SMM. US. x. F236 H4-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	4799
SMM. US. x. H9-G-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	
SMM. US. x. PBJ 6P6-G-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	
SMM. US. x. PG053-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	
SMM. US. x. SNE543-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	
STM. US. 89. STM 37 16-C-TT-A-G-CC-G-C-T-A-T-CA-TG-C-C-C-G-A-C-.....	

MAC.US.x.239	GAGATACAATTTCAACAATCAAAAATCAAAATTTAAAAATTTTCGGGTCTATTACAGAGAAGGCAGAGATCAACTGTGGAGGGACCCGGTGGAGCTATTGTGAAAGGGGAAGGAGCAGTCATCTTAAAGGTAGGGACAGACATTAAAGGTAGTCCAGAAGAAAGGC	5322
Pol	E I Q F Q Q S K N S K F K N F R V Y Y R E G R D Q L W K G P G E L L W K G E G A V I L K V G T D I K V V P R R K A	
A.CI.88.UC2	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5405
A.DE.x.BEN	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5405
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5373
A.FR.00.LA38	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5403
A.FR.01.LA42	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5384
A.FR.02.LA36gomM	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5394
A.FR.03.LA37	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5394
A.FR.96.LA40	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5400
A.FR.98.LA39	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5375
A.FR.98.LA41	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5404
A.GH.x.GH1	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4849
A.GM.87.D194	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4849
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4846
A.GM.x.MCN13	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4850
A.GW.86.FG clone NIHZ	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4843
A.GW.87.CAM2CG	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5414
A.GW.x.MDS	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4849
A.IN.07.NNVA	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5399
A.IN.95.CRIK 147	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5150
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5401
A.NL.01.RH2.13	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5395
A.NL.01.RH2.14	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5421
A.NL.01.RH2.3	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5395
A.NL.01.RH2.7	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5395
A.NL.02.RH2.5	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5393
A.NL.03.RH2.21	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5394
A.NL.03.RH2.24	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5393
A.PT.x.ALI	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	5398
A.SN.85.RD	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4851
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4850
B.CI.88.UC1	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5386
B.CI.x.20.56	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5381
B.CI.x.EH0	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5386
B.FR.00.LA44	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5386
B.FR.98.LA43	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5384
B.GH.86.D205 ALT	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	5378
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	4528
F.US.08.NWK08	-A-C-A-T-C-AA-T	4758
G.CI.92.Abt96	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A	4732
AB.CM.03.03CM 510_03	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A-Y	4517
H2_01 AB.CI.90.7312A	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	5387
H2_01 AB.JP.04.NMC307_20	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	5387
H2_01 AB.JP.07.NMC716_01	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	5386
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	5392
U.CI.07.071C TNP3	-A-C-C-A-T-C	4837
U.FR.96.12034	-A-C-TC-AG-T-T-C-A-C-A-CT-C	4884
MAC.US.x.251.1A11	-A	5321
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-A	5323
MAC.US.x.251.BK28	-A	5298
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-A	4808
MNE.US.82.MNE.8	-A	4790
MNE.US.x.MNE027	-A	4790
SMM.CI.79.SIVsmC12	-A-C-TC-A-C	4442
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-A-C-TC-A-C	4400
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-CC-ACCTT-A-T-C-T	4402
SMM.SL.92.SL92B	-A-CC-ACCTT-A-T-C-T	4753
SMM.US.04.G078	-A-C-G-A	4582
SMM.US.04.G932	-A-C-G-A	4571
SMM.US.04.M923	-A-C-G-A	4576
SMM.US.04.M940	-A-C-G-A	4382
SMM.US.04.M947	-A-C-G-A	4576
SMM.US.04.M950	-A-C-G-A	4575
SMM.US.05.D215	-A-C-G-T-A	4576
SMM.US.06.FT0	-A-C-G-T-A	4604
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-C-G-T-A	5312
SMM.US.86.CFU212	-A-C-G-T-A	4568
SMM.US.x.F236_H4	-A-C-G-T-A	5310
SMM.US.x.H9	-A-C-G-T-A	4795
SMM.US.x.PBJ.6P6	-A-C-G-T-A	5281
SMM.US.x.PGMS3	-A-C-G-T-A	5299
SMM.US.x.SNES43	-A-C-G-T-A	5325
STM.US.89.STM_37_16	-A-C-G-T-A	4969

MAC.US.x.239 Vif	CCCCATTTTAAAGTCCGGATGGCGATGGTGCACCTGCAGCAGAGTAATCTTCCACTACAGGAAGGAACCATTTAGAAGTACAAGGGTATTGGCCATTGACACCAGAAAAGGGTGGCTCAGTACTTATGCAAGTGGAGATAACCTGGTACTCAAAAGAACTTTGGACAGA	5635
	P H F K V G W A W W T C S R V I F P L Q E G S H L E V Q G Y W H L T P E K G W L S T Y A V R I T W Y S K N F W T D	
A.CI.88.UC2	CCAC G G T G A A G A T C G A G A G C A A C C A G	5718
A.DE.x.BEN	CCAC G G T G A A G A T C C A G A C A C C A G	5718
A.DE.x.PE12 KR KRCC	CA G G T G A A T T C C G A G A C C A G	5686
A.FR.00.LA38	CA G G T G A G G T A T C C G A G A C C A G	5716
A.FR.01.LA42	CA G G T G A T G A T A G A C A C C A G	5697
A.FR.02.LA36gomM	CA G G T G A A A C T C G A A C A C C A G	5707
A.FR.03.LA37	CA G G T G A A C T C C G A C A C C A G	5707
A.FR.96.LA40	CA G G T G A G A T T G A G C A C C A G	5713
A.FR.98.LA39	CA A A T T G A G A A T C C G A G A C C A G	5588
A.FR.98.LA41	CA A A T T A G G A G A T C G A G A C C A G	5156
A.GH.x.GH1	CCAC G G T G A G A T T C G A G C A C C A G	5162
A.GM.87.D194	CAC A G T G A G A T C G A G C A C C A G	5162
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	CCA G G T G A A G A A C T C G A G A C C A G	5159
A.GM.x.MCN13	CCA A A T T G A G A A C T C G A G A C C A G	5163
A.GW.86.FG clone NIHZ	CA G G T G A G A A T T C G G A G A C C A G	5174
A.GW.87.CAM2CG	CCA A G T G A G A C T G C G A G A C C A G	5727
A.GW.x.MDS	CCA G G T G A A G A A C T C G A G A C C A G	5162
A.IN.07.NNVA	CCA G G T G A C A A T A C C G A G A C C A G	5712
A.IN.95.CRIK 147	CCA G G T G A A C A A T T C A G A G A C C A G	5463
A.JP.09.NMC786 c1one 41	CA G G T G A G A A T T C G A G A C C A G	5708
A.NL.01.RH2 13	CCA G G T G A A A A C T C G A G A C C A G	5708
A.NL.01.RH2 14	CCA G G T G A G A A A C T C G A G A C C A G	5734
A.NL.01.RH2 3	CCA A G T G A A C A A C C G A G A C C A G	5708
A.NL.01.RH2 7	CCA A G T G A A A A A C C G A G A C C A G	5708
A.NL.02.RH2 5	CCAC G G T G A G A A A T T C G A G A C C A G	5706
A.NL.03.RH2 21	CCA G G T G A A G A A T T C G A G A C C A G	5707
A.NL.03.RH2 24	CCA G G T G A A G A A T T C G A G A C C A G	5706
A.PT.x.ALI	CCA G G T G A G A A T T C G A G A C C A G	5711
A.SN.85.RD	CCA G G T G A A G A A C T C G A G A C C A G	5164
A.SN.86.ST JSP4 27	CCA G G T G A A G A A T C G G A G A C C A G	5163
B.CI.88.UC1	T CCAC G G T T T A C A A A G C A T C G C A C C G G A T C T G C T C T A A C C A T A A G G A T	5699
B.CI.x.20 56	T CCAC A A T T T A A T C G A A G C A T C C G A C G A C C C G G A C T C T A T C T A A C A T A G A G A C	5694
B.CI.EH0	T CCAC A A T T T A A T C G A A G C A T C C G A C A C C C G G A C T C T A T C T A A C A T A G A G A C	5689
B.FR.00.LA44	T CCAC G C T T T A C A A G C A T C C G C A C A C C G G A T C T G T C T A A T A T A A G G A C	5699
B.FR.98.LA43	T CCA A A T T T A A T C A C A G C A C G C A A C C A C G G A C T C T A C T A A T A A G A G A C	5697
B.GH.86.D205 ALT	T CCAC A A T T T A A T C A C A G C A T G C C A A A C C A C G G A T C T G C T C T A A C A A T G A G A C	5691
B.JP.01.IMCJ KR020 1	T CCA A A T T T A A C A A G C A T C G A C A A C C C G G G A T C G G C T A A C C A T A A G T C A T	4841
F.US.08.NMK08	CCAC A G T A G C A T C A G A A C T T A G A G A C A C C A C C G G A T C A C A T A A T A A G T C A T	5071
G.CI.92.Abt96	T CCAC A T T T T A C A A T A C A A G C A G A A C C C G A T T A C C A G A A T A A G A A A T	5045
AB.CM.03.03CM 510 03	T CCAC R T T T T A T C C G A C R G C A Y C C R C A A C C A C G G A C T C T G C C T A A C A A Y G A G A A T	4830
H2 01 AB.CI.90.7312A	CCAC G C T T T A C A A G C G A T G C C G C A C C G G A T C T G T C T T A T A A T A G A G G A C	5700
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	CCAC G C T T T A C A A A A G C A T G C C G C A C C C G G A T C T G C T C T A A T A A T A G A G G A C	5700
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	CCAC G C T T T A C A A A A G C A T G C C G C A C C C G G A T C T G T C T T A A T A A T A G A G G A C	5699
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	CCAC G C T T T A C A A A A G C A T G C C G C A C C C G G A T C T G T C T T A A T A A T A G A G G A C	5705
U.CI.07.07IC TNP3	CCAC A A T T T G A A T C T G G A G A T C A A G C C A G G A T T C A A T A A C A A G G A C T G	5150
U.FR.96.12034	CAC A A T T T G A A T T A A A T C A A G G C C A G G A A T C C T A A T T A A G A G G T	5196
MAC.US.x.251 1A11	A G G G	5634
MAC.US.x.251 32H PJ5	CA G G G	5636
MAC.US.x.251 BK28	CA G G G	5611
MAC.US.x.MM142 IVMXX	CA G G G	5121
MNE.US.82.MNE 8	CA A A A A G G	5103
MNE.US.x.MNE027	CA A A A A G G	5103
SMM.CI.79.SIVsmC12	AAC A A T T T A T T G G A A A T C A C C A C A G A A T C T C T A A C C T T T G C C	4755
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	CAC A A T T T G A A T C G A G A G A G C A T C C C A C A G A A T C T C C T A A C C T T A G T G A T C	4713
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	CAC A A T T T G G A A A G C C G A A C C A G A A T C T C C C A C G G T C T G T A C G A T C	4713
SMM.SL.92.SL92B	A CAC A A T T T A C A G C T C T G G G T C G G T C A C C C A T A T A T C A G C T C T A A C T T A G A A C	5069
SMM.US.04.G078	CAC A T G T T A G A C T C A A C C A G A A C C A G A A C G G A C	4895
SMM.US.04.G932	CAC A T T T G A A A C T C A A A G C G G A G G A G A A A C	4884
SMM.US.04.M923	CA A T T T A A T A G C T G G A G A A C C A G A A A C G A C	4889
SMM.US.04.M940	CA A T T T A G A G C C C A G A A C C A G A A A T A C G T C	4895
SMM.US.04.M947	CA A T T T A A G T A G G C T G G A G A A C C A G A A A C G A T C	4889
SMM.US.04.M950	CA A T T T A T G A A T C A A C A G A A C A G A A C G A	4887
SMM.US.05.D215	CA A T T T C G A A A T C T C G A A C C A C T A A A A T A T G A	4889
SMM.US.06.F10	CA A T T T T G A G A T C T C G A A A C C G G A G A A A C A C A C G G C T	4917
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	CA A T T T T A G A T A G C T G A A A C A G G A A C A A C A C G A T C	5625
SMM.US.86.FU212	CA A T T T T A G A G T C T G A C A C A G A G A A T A T A G C A T C	4881
SMM.US.x.F236_H4	CA A T T T T A G T A G C T G A A A A G A A G A A A A C G A T C	5623
SMM.US.x.H9	CA A T T T G T A G T A G G C T G A A A A G R A A A C G A T C	5108
SMM.US.x.PBJ 6P6	CA A T T T T A A T A G C T G A G A A G A A A C G A T C	5594
SMM.US.x.PGMS3	CA A T T T T A G A T A T C T G A A A A G A A A C G A T C	5552
SMM.US.x.SNES43	CA A T T T T A G T A G C T G A A A A G A A A C G A T C	5638
STM.US.89.STM 37 16	CCA T T G T T T G T T C T G A G A G C A C C T A A A A A G A A T T A C G A T C T	5282

MAC.US.x.239
Vif
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM_37_16

Table with 100 columns of nucleotide sequences (A, C, G, T) and 100 rows of sequence identifiers. The table shows a highly conserved region of the HIV-2/SIV genome, with most positions having a single nucleotide across all sequences, and some positions showing polymorphisms.

Vpx start
 TAAGCGATGTCAGA...TCCAGGGAGAGAAATCCCACTGGAAACAGTGGAGAGAGACAATAGGAGAGCCCTTCCGATGGCTAAACAGAACAGTGAAGAGAGATAAACAAGAGAGCCGTAACCACTTCCAAAGGAGCTAATTTTCAGGTTTGGCAAAGGCTTTG 5969

Vpx
 M S D . . . P R E R I P P G K N S G E E T I G E A F E W L N R T V E E I N R E A V N H L P R E L I F O V W O R S W

Vif
 S Q G E N I P T W K Q W R R D N R R G L R M A K Q N S R G D K Q R R G A G K P P T K G A N F P G L A K V L

MAC.US.x.239
 Vpx
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12.KR.KRCG
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36gomM
 A.FR.93.LA37
 A.FR.96.LA44
 A.FR.98.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY.SBL.6669.85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FG.clone.NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CR1K.147
 A.JP.08.NMC786.clone.41
 A.NL.01.RH2.13
 A.NL.01.RH2.14
 A.NL.01.RH2.3
 A.NL.01.RH2.7
 A.NL.02.RH2.5
 A.NL.03.RH2.21
 A.NL.03.RH2.24
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.ROD
 A.SN.86.ST.JSP4.27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EHO
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205.ALT
 B.JP.01.IMJ.KR020.1
 F.US.88.NWK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM.510.03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NNC307.20
 H2.01.AB.JP.07.NNC716.01
 H2.01.AB.JP.08.NNC842.10
 U.CI.07.071C.TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251.1A11
 MAC.US.x.251.32H.PJ5
 MAC.US.x.251.BK28
 MAC.US.x.MH142.IVMXX
 MNE.US.02.MNE.8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CR.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G032
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTQ
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236.H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ.6P6
 SMM.US.x.PGMS3
 SMM.US.x.SME543
 STM.US.89.STM.37.16

6055
 6055
 6023
 6053
 6034
 6044
 6044
 6044
 6025
 6054
 5499
 5499
 5496
 5496
 5500
 5493
 6064
 5499
 6049
 5808
 6051
 6045
 6071
 6045
 6045
 6043
 6044
 6043
 6048
 5501
 5501
 6039
 6034
 6029
 6039
 6037
 6031
 5181
 5402
 5382
 5170
 6040
 6040
 6039
 6045
 5484
 5530
 5968
 5970
 5945
 5455
 5437
 5437
 5095
 5047
 5046
 5406
 5229
 5218
 5223
 5229
 5223
 5221
 5223
 5251
 5959
 5215
 5957
 5442
 5923
 5886
 5972
 5616

MAC.US.x.239
Vpx
Vif
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA44
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.88.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMC1 KR020 1
F.US.88.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307 20
H2.01.AB.JP.08.NMC716 01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMXX
MNE.US.02.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LI.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37 16

Vif end
GGAATACTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGAAAATACAGATACTTGTGTTTAAATACAAAGGCTTTATTTATGCATTGCAAGAAAGGCTGTAGATGTCTAGGGGAAGGACATGGGGCAGGGGGATGGAGA...CCAGGACCTCTCTCTCCCTCCCTC 6136
E Y W H D E Q G M S P S Y V K Y R Y L C L I Q K A L F M H C K K G C R C L G E G H G A G G W R . P G P P P P P P P
G I L A *
-AG-----C-----T-----CAC G T-----T-----CC G-----A G-----A-----CT-----G-----C CT-----G-----G-----ACATG-----C G-----A-----T-----GA-----GAC-----A-----G-----C----- 6222
-AG-----T-----A-----T-----CAC G T-----T-----CC G-----G-----T-----A G-----C-----A-----GTT-----G-----C CT-----G-----G-----ACATG-----CCGG-----AA-----G-----T-----GA-----GAC-----A-----G-----C----- 6225
-AG-----C-----T-----A-----T-----CAC G T-----T-----CC G-----G-----A-----AA-----G-----AC-----GCT-----G-----C CT-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----C----- 6187
-AG-----A-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----C CT-----C-----G-----AG-----C-----A-----G-----T----- 6220
-AG-----G-----A-----A-----T-----CAC G T-----T-----C-----CA-----G-----A-----AA-----G-----A-----GTT-----G-----G-----C-----A-----C-----G-----AG-----C-----A-----G-----T----- 6211
-AG-----A-----C-----AT-----T-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----C-----A-----TT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6211
-AG-----A-----C-----GT-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----AC-----A-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6217
-AG-----A-----C-----A-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----G-----G-----GTT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6092
-AG-----T-----C-----A-----T-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----G-----G-----GTT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6221
-AG-----C-----A-----T-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----AC-----G-----A-----T----- 6221
-C-----T-----A-----T-----CAC G T-----T-----C-----CA-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----AG-----C-----G-----A-----T----- 6566
-AG-----G-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6566
-AG-----G-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6563
-AG-----A-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----AC-----G-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6231
-AG-----A-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----AG-----G-----C-----A-----TT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6231
-AG-----A-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----AC-----A-----G-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6566
-G-----T-----C-----CAC G T-----T-----A-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----GA-----G-----G-----C CT-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----TC----- 6216
-G-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----GA-----G-----G-----C CT-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----TC----- 6216
-AG-----G-----T-----C-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----CT-----T-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6218
-AG-----G-----C-----G-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----CC-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6212
-AG-----A-----AG-----T-----CAC TG T-----T-----TC-----C-----G-----A-----CC-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6212
-AG-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----TC-----CA-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6212
-AG-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----TC-----CA-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6210
-AG-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----TC-----CA-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6211
-AG-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----TC-----CA-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6210
-AG-----A-----AG-----T-----CAC G T-----T-----TC-----CA-----G-----G-----A-----AA-----G-----C-----A-----GCT-----C-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6215
-AG-----A-----GA-----T-----CAC G T-----T-----CA-----G-----G-----A-----AG-----G-----AC-----GTT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----AGG-----C-----G-----A-----G-----T-----G----- 6568
-AG-----A-----AT-----T-----CAC G T-----T-----CC-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----CT-----G-----G-----C CT-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T----- 6567
-C-----G-----G-----G-----C-----AGT-----T-----ACC-----T-----T-----TGC-----G-----G-----A-----AA-----G-----A-----C-----AT-----CA-----G-----G-----C-----GCA-----G-----C-----C-----T----- 6206
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----CATT-----CACCT-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----AA-----G-----A-----A-----ATTGCA-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----A----- 6201
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----ATT-----T-----ACC-----T-----G-----T-----C-----G-----A-----AA-----G-----A-----C-----TTGCA-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----C----- 6196
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----CATT-----CACCT-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----AA-----G-----A-----A-----AATGCA-----G-----C-----C-----G-----C-----C----- 6206
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----ACC-----T-----G-----ATGC-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----C-----AT-----CA-----G-----A-----C-----GC-----CG-----C----- 6204
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----ATT-----T-----ACC-----T-----TG-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----C-----AT-----CA-----G-----A-----C-----GC-----G-----C----- 6198
-C-----T-----C-----G-----G-----C-----A-----ATT-----CACCT-----G-----T-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----A-----AC-----G-----A-----CC-----T-----G-----G-----T----- 6348
-T-----A-----G-----G-----G-----G-----GCT-----CACCT-----G-----T-----C-----ACTG-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----AC-----CAGG-----A-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----C----- 6569
-T-----G-----C-----G-----G-----T-----T-----C-----ACTC-----G-----T-----T-----TGC-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----CT-----GCA-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----T----- 6549
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----AGT-----T-----CACCT-----T-----TC-----TGC-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----C-----AT-----CA-----G-----C-----CAGGCA-----G-----C-----C-----R-----A-----T----- 6537
-C-----T-----G-----G-----T-----G-----C-----ATT-----CACCT-----G-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----AA-----G-----G-----A-----TTGCA-----G-----C-----C-----GC-----G-----C-----C----- 6207
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----AGT-----T-----ACC-----G-----T-----G-----ACT-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----G-----T-----TTTCA-----G-----CC-----C-----GG-----G-----C-----C----- 6206
-C-----T-----G-----G-----G-----C-----ATT-----T-----ACC-----T-----G-----ACT-----C-----G-----G-----A-----AA-----G-----A-----T-----TTTCA-----G-----G-----C-----GG-----G-----C-----C----- 6212
-G-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----CACT-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----CCA-----GA-----A-----G-----C-----A-----A-----G----- 6551
-C-----G-----G-----G-----C-----GA-----T-----ACT-----G-----T-----TC-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----CA-----CT-----G-----C-----AC-----A-----A-----T-----G----- 6597
-----A-----C----- 6135
-----A----- 6137
-----A-----AC-----G----- 6112
-----C----- 6222
-----G-----A-----G----- 6044
-----G-----C-----A-----GCT-----CACTC-----G-----T-----CTA-----A-----C-----G-----TGT-----GTA-----A-----G-----A-----C-----CT-----A-----A-----G-----T-----A-----G----- 6262
-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----A----- 6211
-----T-----G-----A-----G-----GCA-----ACT-----G-----T-----CA-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A----- 6210
-----GTA-----G-----ATAC-----C-----T-----TG-----ACAG-----G-----G-----A-----AA-----G-----CA-----C-----T-----GA-----A-----C-----C-----CAG-----A-----G-----TCACAG-----C-----A-----T-----A-----A----- 6573
-----T-----T-----A-----G-----GA-----AC-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----GG-----T-----T-----T-----CT-----A-----A-----T-----A-----G----- 6396
-----T-----AT-----GT-----GTC-----CACT-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----CA-----G-----C-----G-----CT-----A-----G-----AGT-----A-----AT-----A----- 6385
-----T-----A-----AT-----GT-----GC-----AC-----G-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----GG-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----G----- 6396
-----T-----A-----AT-----GTC-----CAC-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----CT-----A-----G-----AGT-----T-----G----- 6390
-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----AT----- 6388
-----G-----A-----ATG-----G-----CAC-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----C----- 6418
-----T-----ATG-----G-----CAC-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----CA-----G-----T-----GA-----A-----C-----AT-----CT-----GA-----T-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----T----- 6126
-----ATG-----A-----GA-----CAC-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----A-----G-----AG-----A-----G----- 6124
-----ATG-----GTC-----CACT-----R-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----A-----G-----AG----- 6099
-----ATG-----GTC-----CACT-----R-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----A-----G-----AG----- 6095
-----G-----ATG-----GAG-----CAC-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----A-----AG----- 6053
-----ATG-----A-----GA-----CAC-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CT-----A-----G----- 6139
-----G-----C-----CGGG-----T-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----CT-----G-----A-----C----- 6139

	Vpx end	Vpr start		
MAC.US.x.239	CAGGACTAGCATAAATGGGAAGAAGACCTTCAGAAAAATGAAGGACCACAAAAGGGAACCATGGGTGAATGGGTAGTGGAGGTTTCGGAAGAAGCTGAAAGAAGAAGCTTTAAACACTTTTGTATCTCGTCTGTAACTGCACCTGGTAATCATATCTAT	6294	
Vpx	P_G_L_A_*			
Vpr		M E E R P P E N E G P Q R E P W D E W V E V L E E L K E E A L K H F D P R L L T A L G N H I Y		
A.CI.88.UC2TGG-GCTAGGAG-TG-TTGTGTC-A-GG	6333
A.DE.x.BENTGG-GGACCC-TT-G-AG-C	6394
A.DE.x.PE12 KR KRCCTGG-GG-ACCG-G-G	6356
A.FR.00.LA38TGG-GG-AGGACCG-G-G	6389
A.FR.01.LA42TGG-GG-AGGACCG-G-G	6370
A.FR.02.LA36gomMTGG-GG-AGGACCG-G-G	6380
A.FR.93.LA37TGG-GG-AGGACCG-G-G	6380
A.FR.96.LA40TGG-GG-AGGACCG-G-G	6386
A.FR.98.LA39TGG-GG-AGGACCG-G-G	6371
A.FR.98.LA41TGG-GG-AGGACCG-G-G	6390
A.GH.x.GH1TGG-GG-AGGACCG-G-G	5835
A.GM.87.D194TGG-GG-AGGACCG-G-G	5835
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85TGG-GG-AGGACCG-G-G	5832
A.GM.x.MCN13TGG-GG-AGGACCG-G-G	6136
A.GW.86.FG.clone_NIHZTGG-GG-AGGACCG-G-G	5829
A.GW.87.CAM2CGTGG-GG-AGGACCG-G-G	6400
A.GW.x.MDSTGG-GG-AGGACCG-G-G	5835
A.IN.07.NNVATGG-GG-AGGACCG-G-G	6386
A.IN.95.CRIK_147TGG-GG-AGGACCG-G-G	6387
A.JP.08.NMC786.clone_41TGG-GG-AGGACCG-G-G	6387
A.NL.01.RH2.13TGG-GG-AGGACCG-G-G	6381
A.NL.01.RH2.14TGG-GG-AGGACCG-G-G	6408
A.NL.01.RH2.3TGG-GG-AGGACCG-G-G	6381
A.NL.01.RH2.7TGG-GG-AGGACCG-G-G	6381
A.NL.02.RH2.5TGG-GG-AGGACCG-G-G	6379
A.NL.03.RH2.21TGG-GG-AGGACCG-G-G	6380
A.NL.03.RH2.24TGG-GG-AGGACCG-G-G	6379
A.PT.x.ALITGG-GG-AGGACCG-G-G	6384
A.SN.85.RODTGG-GG-AGGACCG-G-G	5837
A.SN.86.STJSP4_27TGG-GG-AGGACCG-G-G	5836
B.CI.88.UC1TGG-GG-AGGACCG-G-G	6375
B.CI.x.20_56TGG-GG-AGGACCG-G-G	6370
B.CI.x.EHOTGG-GG-AGGACCG-G-G	6365
B.FR.00.LA44TGG-GG-AGGACCG-G-G	6375
B.FR.98.LA43TGG-GG-AGGACCG-G-G	6373
B.GH.86.D205.ALTTGG-GG-AGGACCG-G-G	6367
B.JP.01.INCJ_KR020_1TGG-GG-AGGACCG-G-G	6317
F.US.08.NWK08TGG-GG-AGGACCG-G-G	5724
G.CI.92.Abt96TGG-GG-AGGACCG-G-G	5710
AB.CM.03.03CM_510_03TGG-GG-AGGACCG-G-G	5506
H2.01.AB.CI.90.7312ATGG-GG-AGGACCG-G-G	6376
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20TGG-GG-AGGACCG-G-G	6376
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01TGG-GG-AGGACCG-G-G	6375
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10TGG-GG-AGGACCG-G-G	6381
U.CI.07.071C.TNP3TGG-GG-AGGACCG-G-G	5809
U.FR.96.12034TGG-GG-AGGACCG-G-G	5854
MAC.US.x.251.1A11TGG-GG-AGGACCG-G-G	6293
MAC.US.x.251.32H.PJ5TGG-GG-AGGACCG-G-G	6295
MAC.US.x.251.BK28TGG-GG-AGGACCG-G-G	6270
MAC.US.x.HM142.IVMXXTGG-GG-AGGACCG-G-G	5780
MNE.US.02.MNE_8TGG-GG-AGGACCG-G-G	5762
MNE.US.x.MNE027TGG-GG-AGGACCG-G-G	5762
SMM.CR.79.SIVsmCI2TGG-GG-AGGACCG-G-G	5420
SMM.LR.89.SIVsmLIB1TGG-GG-AGGACCG-G-G	5368
SMM.SL.92.SIVsmSL92ATGG-GG-AGGACCG-G-G	5370
SMM.SL.92.SL92BTGG-GG-AGGACCG-G-G	5727
SMM.US.04.G078TGG-GG-AGGACCG-G-G	5554
SMM.US.04.G932TGG-GG-AGGACCG-G-G	5543
SMM.US.04.M923TGG-GG-AGGACCG-G-G	5549
SMM.US.04.M940TGG-GG-AGGACCG-G-G	5554
SMM.US.04.M947TGG-GG-AGGACCG-G-G	5549
SMM.US.04.M950TGG-GG-AGGACCG-G-G	5546
SMM.US.05.D215TGG-GG-AGGACCG-G-G	5548
SMM.US.06.FTQTGG-GG-AGGACCG-G-G	5576
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10TGG-GG-AGGACCG-G-G	6285
SMM.US.86.CFU212TGG-GG-AGGACCG-G-G	5543
SMM.US.x.F236.H4TGG-GG-AGGACCG-G-G	6283
SMM.US.x.H9TGG-GG-AGGACCG-G-G	5768
SMM.US.x.PBJ_6P6TGG-GG-AGGACCG-G-G	6254
SMM.US.x.PGM53TGG-GG-AGGACCG-G-G	6213
SMM.US.x.SME543TGG-GG-AGGACCG-G-G	6298
STM.US.89.STM_37_16TGG-GG-AGGACCG-G-G	5942

	Env signal peptide end	Env gp120 start	
MAC.US.x.239	TTATGCCATCTGCTTTAAAGTGTCTATGGGATCTATTGT	ACTCTATATGTACAGCTTTTATGGTGTACAGCTTTGGAGGAATGCAGCAATTCCTCTTTTGTGCAACCAAGAATAGGGATACTTGGGAACTCAGTGCCTACCAGATAAT	6786
Env	L I A I L L L S V Y G I Y C	T L Y V T V F Y G V P A W R N A T I P L F C A T K N R D T W G T T Q C L P D N	
A.CI.88.UC2	-GCT-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-G-C-TG-A-AT-T-C-A-A-A-G-C-TA-T-G-C-	6825
A.DE.x.BEN	-G-T-T-T-A-AAC-CT-GCTTAG-A-C-	-GC-AG-G-T-T-C-CA-C-C-G-AA-AT-T-T-A-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6886
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-T-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-G-C-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-GA-A-C-TA-T-G-C-	6848
A.FR.00.LA38	-T-T-CT-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-C-TA-T-G-C-	6881
A.FR.01.LA42	-G-TA-T-T-AGCT-CT-GCTAG-A-C-CAAAATCCAAACCC-A-A-A-T-T-C-A-C-G-A-AT-CG-T-A-A-C-TA-T-G-C-	-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6874
A.FR.02.LA36gomM	-T-T-CT-A-AA-AGCT-CT-GCTT-A-C-CAAA	-AG-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6875
A.FR.03.LA37	-G-T-T-T-AT-AGCT-CT-GCTT-A-C-C-	-AAGAC-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-T-G-C-	6870
A.FR.96.LA40	-T-T-G-AGCT-CT-CITTA-A-C-	-GGGA-G-T-T-C-A-G-T-G-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6879
A.FR.98.LA39	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6873
A.FR.98.LA41	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6882
A.GH.x.GH1	G-G-T-T-G-AGCT-CT-CITAG-A-C-	-C-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-T-C-TA-A-C-A-C-TA-AAG-C-	6327
A.GM.87.D194	-G-T-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-A-A-A-A-G-C-TC-T-G-C-	6327
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-T-T-T-TC-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-CAA-G-T-T-C-A-C-TG-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6324
A.GM.x.MCN13	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6328
A.GW.86.FG clone NIHZ	-G-T-T-TG-A-AGCT-CT-GCTA-A-C-	-AG-A-T-G-T-T-C-C-A-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6321
A.GW.87.CAM2CG	-T-T-TC-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C-CAGA	-CAA-A-G-T-T-C-C-C-G-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6895
A.GW.x.MDS	-T-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-CAAA	-CCACAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6333
A.IN.07.NNVA	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTTA-A-CAAA	-CAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6881
A.IN.95.CRIK 147	-T-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6628
A.JP.08.NMC786 clone 41	-G-T-T-G-AGCT-CT-GCTTA-A-CAAA	-AAACAA-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6885
A.NL.01.RH2 13	-TA-T-T-T-AGCT-CT-GCTTA-A-G-	-TC-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6874
A.NL.01.RH2 14	-T-T-T-T-A-AGCT-CT-CCTA-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-T-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6897
A.NL.01.RH2 3	-GCTA-T-T-A-AGCT-CT-GCTTA-A-G-C-	-CAA-G-T-T-A-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6871
A.NL.01.RH2 7	-G-TA-T-T-T-AGCT-CT-GCTTA-A-G-C-	-CAA-A-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6874
A.NL.02.RH2 5	-G-TA-T-T-T-AGCT-CT-GCTTAG-A-G-	-TCAA-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6871
A.NL.03.RH2 21	-TA-T-T-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-	-GTC-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6872
A.NL.03.RH2 24	-A-T-T-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-GTC-A-G-T-T-C-CA-C-G-A-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6871
A.PT.x.ALI	-G-TA-T-T-A-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-C-G-AA-AA-A-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6876
A.SN.85.RDD	-T-T-T-AT-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-	-C-A-A-T-T-C-C-CA-G-AA-A-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6320
A.SN.86.ST JSP4_27	-G-T-T-G-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-GTC-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-T-C-TA-A-A-C-TA-T-G-C-	6328
B.CI.88.UC1	-TTTGC-C-A-A-T-TCTGG-CAT	AAG-AAAAC-T-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-CA-C-C-TGTA-C-C-C-	6867
B.CI.x.20.56	-TTAC-C-T-A-TGTATG	-AA-A-T-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-GCA-C-C-TGTG-C-C-G-	6856
B.CI.x.EH0	-G-TA-AC-T-A-A-TATATGG-C	-AGAAC-T-T-T-C-A-C-A-AA-AT-T-C-T-GA-C-A-C-TGTA-A-C-C-	6851
B.FR.00.LA44	-TTTGC-C-A-A-T-TATG	-AG-A-T-T-C-CA-T-A-C-AT-G-T-C-CA-C-C-TGTA-C-C-C-	6861
B.FR.98.LA43	-TA-GC-T-A-A-G-T-TGTG	-CAGAA-A-T-T-C-CA-T-A-A-A-G-C-C-CA-C-A-C-C-TGTG-C-C-C-	6859
B.GH.86.D205 ALT	-T-TGC-C-A-A-A-AG-T-TGTA	-AA-A-T-T-C-CA-C-A-C-A-G-A-CA-C-A-C-C-TGTG-A-T-C-	6853
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-GCT-AC-C-A-A-CT-TATGG-C	-GAGGAT-TC-T-T-C-CA-A-A-A-A-G-C-A-A-T-TGTG-A-T-C-	6003
F.US.08.NMK08	-A-G-TACA-CT-GG-C	-GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-GG-A-A-C-G-T-A-A-G-T-	6213
G.CI.92.Abt96	-A-C-R-C-ACT-T	-CAA-T-T-C-CA-C-A-C-GCG-A-T-C-A-A-C-T-A-T-T-	6199
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-GC-C-C-A-G-TTACA-Y	-AA-A-Y-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-T-A-A-G-C-TA-T-G-C-	5986
H2 01 AB.CI.90.7312A	-G-T-G-AGCT-CT-CITTA-A-C-	-CAA-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-T-C-TA-C-A-G-TA-T-G-C-	6862
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-G-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-A-CACC	-AAAA-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-T-C-TA-C-A-G-C-TA-A-T-G-C-	6865
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-G-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-A-CGCC	-AA-A-G-T-T-C-A-G-C-TG-A-AT-T-C-TA-C-A-G-TA-T-G-C-	6864
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-C-T-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-A-CACC	-AAAA-G-T-T-C-A-G-C-TG-A-AT-T-C-TA-C-A-G-TA-T-G-C-	6870
U.CI.07.071C TNP3	-TC-ATGC-A-CA-GC-T-A-C-	-AG-T-T-C-CA-C-T-A-C-A-G-A-C-A-C-A-G-T-A-A-T-C-	6295
U.FR.96.12034	-TC-A-TG-A-CA-GC-T-A-C-	-AG-T-T-C-CA-T-A-C-A-G-A-C-A-A-C-A-A-C-TA-T-T-	6340
MAC.US.x.251 1A11			6785
MAC.US.x.251 32H PJ5			6787
MAC.US.x.251 BK28			6762
MAC.US.x.MM142 IVMXX			6272
MNE.US.82.MNE 8			6254
MNE.US.x.MNE027			6254
SMM.CI.79.SIVsmC12	TG-AG-T-G-GG-C	-AG-T-T-C-CA-C-C-A-GCG-A-A-C-G-A-C-G-T-A-A-C-C-	5909
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	AG-CT-CA-A-C	-AG-T-T-C-T-T-A-C-AT-C-TA-A-T-C-C-	5851
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-A-T-CA-A-T-C-C	-A-AG-A-T-T-C-T-T-A-C-AT-A-G-C-TA-A-T-G-	5865
SMM.SL.92.SL92B	-A-A-T-G-TA-C-GG	-G-A-AG-A-A-A-T-T-A-C-T-G-C-C-G-C-A-C-A-G-CGT-T-G-	6213
SMM.US.04.G078	-G-C-T-T-C	-T-A-A-C-A-C-TA-A-C-G-T-G	6046
SMM.US.04.G932	-T-A-CT-T-C	-T-A-A-A-C-G-C-C	6035
SMM.US.04.M923	GC-CT-TA-T-C	-GT-A-A-A-C-A-A-G-C-C-A-A-T-G-C	6035
SMM.US.04.M940	GC-T-AG-CT-T-C	-AG-T-T-C-A-A-A-C-A-A-G-C	6046
SMM.US.04.M947	GC-A-A-CT-TA-T-C	-GT-A-A-A-G-C-A-C-G-C-A-C-A-A-T-G	6035
SMM.US.04.M950	-C-C-TA-T-C	-A-T-T-C-A-T-A-C-G-A-C-A-T-G	6038
SMM.US.05.D215	-A-A-AG-CT-G-TGG-C	-AA-A-A-T-T-C-A-T-T-A-C-G-A-TTC-A-T-G-C	6040
SMM.US.06.F10	-G-AC-CT-GCTC-A-C	-AGAA-A-T-T-C-CA-T-C-A-C-G-C-C-TTC-A-T-G	6065
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	GC-AG-CT-TA-A-T	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-G-C-A-G-C-TA-A-T-G	6771
SMM.US.86.FU212	GC-AG-CT-TA-A-T	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-G-C-A-G-C-TA-A-T-G	6029
SMM.US.x.F236_H4	GC-AG-TA-A-T-G	-GT-A-A-A-C-A-A-C-TA-A-A-T-G	6733
SMM.US.x.H9	GC-C-A-Y-CT-CA-T	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-A-T-G	6254
SMM.US.x.PBJ 6P6	GC-A-CT-CA-T	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-A-T-G	6740
SMM.US.x.PGMS3	GC-AG-TA-A-T-G	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-A-T-G	6705
SMM.US.x.SNES43	GC-AG-TA-A-T-G	-GT-A-A-A-C-A-A-C-A-A-T-G	6784
STM.US.89.STM 37 16	-T-A-CT-GCTT-C-	-AG-G-A-A-G-A-A-G-C-A-T-C-	6428

V1 loop start

GGTGATTATTCAGAAAGTGGCCCTTAATGTTACAGAAAGCTTTGATGCTGGAATAATACAGTCACAGAACAGGCCAATAGAGGATGTATGGCACTCTTGAGAGCTCAATAAAGCCTTGTAATAAATATCCCATTTGCATTACTATGAGATGCATAAAAGTGAGAC 6956
G D Y S E V A L N V T E S F D A W N N T V T E Q A I E D V W Q L F E T S I K P C V K L S P L C I T M R C N K N K S E T
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--G--GA-A--TC--TG--GG-A--TC--CC--GT--ACAGG 6955
A.CI.88.UC2
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--GC--GGT-C-AGG 7056
A.DE.x.BEN
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--GA--T--GC--CAAGT-- 7018
A.DE.x.PE12 KR KRCC
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--GA--T--GC--CAAGT-- 7018
A.FR.00.LA38
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CA--GG--AC--T-- 7052
A.FR.01.LA42
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--A--T--CC--CAACTT 7044
A.FR.02.LA36comM
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--A--T--CC--CAAG--G 7045
A.FR.03.LA37
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--GAG--TG--CA--A-- 7040
A.FR.06.LA40
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--GC--GT--GCACCA-- 7049
A.FR.09.LA39
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--GC--TTTA--CAGG 6923
A.FR.98.LA41
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--C--T--G--T--G-- 7052
A.GH.x.GH1
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--T--T--C--GC--CACTA 6497
A.GM.07.D194
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--C--TCAGG 6497
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CC--CA-- 6494
A.GM.x.MCN13
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CC--CA-- 6498
A.GW.86.FG clone NIHZ
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CA--GG--ACAT-- 6491
A.GW.87.CAM2CG
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--C--T--ACA--G 7065
A.GW.x.MDS
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--GC--CTCAGTA 6503
A.IN.07.NNVA
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--GAG--G--C--A-- 7051
A.IN.95.CRIK 147
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--T--T--C--ACA-- 6798
A.JP.08.NMC786 clone 41
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--T--T--C--CGC--CACG 7055
A.NL.01.RH2 13
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--T--T--C--CGC--CGAC--GG 7044
A.NL.01.RH2 14
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--GC--CTCAGT 7067
A.NL.01.RH2 23
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.NL.01.RH2 7
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.NL.01.RH2 7
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.NL.02.RH2 5
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.NL.02.RH2 21
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.NL.03.RH2 24
AA-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CA--T--C--CGCAGC--GG 7038
A.PT.x.ALI
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AG--T--C--TAAGC-- 7046
A.SN.85.ROD
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--GC--CA--G 6490
A.SN.86.ST_JSP4_27
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--GC--CAACTG-- 6498
B.CI.88.UC1
--G--CA-C-GA-CAGTG-A-A-A-GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-G-GC-G--GG-A--T--T--C-CA-GA-- 7037
B.CI.x.20.56
--G--CA-C-GA-CAGTG-G-A-A-GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-G-GC-G--GG-A--AT--TTC--C-A-A-C-- 7026
B.CI.x.EH0
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AG--T--C--G--GTG--G 7023
B.FR.00.LA44
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-G-GC-G--GG-A--AT--TTC--GG--A--A--T-- 7031
B.FR.98.LA43
--G--CA-T-GA-CAAG-A-CA-A-GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--CAG--T--C--CA--CCG 7029
B.GH.86.D205 ALT
--G--CA-T-GA-CAGG-A-CA-A-GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--GC--CA-- 7023
B.JP.01.IMCJ KR020 1
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AT--T--G--CCT-A--C 6173
F.US.08.NWK08
AA-----CGTT--A-CC-A-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-G-GC-G--GG-A--T--T--C--CA-- 6383
G.CI.92.Abt96
-A-----CAGT--C-A-AT-G--A--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--G--C--C-- 6369
AB.CM.03.03CM 510 03
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-A-CC-R--YG--GG-A--AT--T--CA--CC--CG--AG 6156
H2 01 AB.CI.90.7312A
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--T--T--C--GC--CCACCG-- 7032
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CC--CAACT--G 7035
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CC--CAACT--G 7034
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
-A-----CAG--A-AC-TT-A--G--GCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--A-A--TC--TG--GG-A--AC--T--CC--CACT--G 7040
U.CI.07.071C TNP3
-A-----AGT--T-A-TT-A--A-C--GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-A-CC-C--T--AG-A--G--T--CG-- 6465
U.FR.96.12034
--G--GT-A-AT-A--C--GGCT--A--G--A--A--G--A--A--C--AGG--A--A--G--A--A--C--GC--GA-A-CC-T--T--AG-A--CC-T--T--G--C--A-- 6510
MAC.US.x.251.1A11
-----T-----T--G-G-----A----- 6955
MAC.US.x.251.32H.PJ5
-----T-----T--G-G-----A----- 6957
MAC.US.x.251.BK28
-----T-----T--G-G-----C----- 6932
MAC.US.x.MM142.IVMXX
-A-----T-----T--G-G-----C----- 6442
MNE.US.02.MNE.8
-A-----T-----A-----T--G-G-----T-----A-----A-----C----- 6424
MNE.US.x.MNE027
-A-----T-----A-----T--G-G-----T-----A-----A-----C----- 6424
SMM.CI.79.SIVsmC12
--G--CAG--A-AAGAA-G--G--GTC--T--G-C-C--A--G--G--T--A-TT-A--A--T--C--A--T--T--GA-G--G--G--G-A--C--T--G--C--A-- 6079
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
-A-----C-----A-AAGTA-C--C--GGCT--A--G--C--C--T--G--A--G--T--A-T--T--A--A--C--T--G--GC--A--T--G--T--G--A--AG--T--G--A--A-- 6021
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
-A-----C-----T-----TA-----GTC--A--G--G--A--G--T--A-T--T--A--A--C--T--G--GC--A--T--G--T--G--A--CAG--TG--G--A-- 6035
SMM.SL.92.SL92B
-A-----C-----T-----GTC--A--G--G--A--G--T--A-T--T--A--A--C--T--G--GC--A--T--G--T--G--A--T--G--A--T--G--A-- 6383
SMM.US.04.G078
-A-----C-----T-----A-----C--CA--T--G-C--G--G--A--T--A--T--A--A--C--T--G--GC--A--T--C--G--C--A--T--G--CA--C-- 6216
SMM.US.04.G932
-A-----C-----T-----T-----CAA-----C-----A--T--A--T--A--C--A--C--T--G--GC--A--C-----A--C-----T----- 6205
SMM.US.04.M923
-A-----C-----T-----AA-----C--GGCT--T--G-C--T--G--A-----A-----A--C--T--A--C-----C--CA--C-----T--AG--A--G--T--A-- 6205
SMM.US.04.M940
-A-----C-----T-----A-----C--GCA--T--G-C--T--G--A-----A-----A-----G--A-----G--C--AG--T--G--C--AG-- 6216
SMM.US.04.M947
-A-----C-----T-----AA-----C--GGCT--T--G-C--T--G--A-----A-----A-----G--A-----G--C--AG--T--G--C--AG-- 6205
SMM.US.04.M950
-A-----C-----T-----TA-A-----A-----C-----G--A-----A-----A-----C-----C--CA-----T--AG--A--G--T--G--C-- 6208
SMM.US.05.D215
-A-----C-----A--C--TA-----C--GGCT--T--G-C--G--A-----A-----G--A-----A-----A-----C-----A--C-----T--AG--C--G--T--G--C-- 6210
SMM.US.06.F10
-A-----C-----T--A--T--C-----C--GGCT--T--G-C--C-----A-----G-----A-----A-----C-----T--A--A-----C-----T--AG-- 6235
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
-A-----C-----T-----AA--C--G--A--C--GGCT--T-----A-----G-----A-----A-----C-----T--A--A-----C-----T--AG--A-- 6941
SMM.US.86.FU212
-A-----C-----C--A--AA--C-----GGCT--T-----C-----G--A-----A-----A-----C-----C--CA-----C-----T--AG--A-- 6199
SMM.US.x.F236.H4
-A-----C-----T--AA--C-----GGCT--T--G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C--CA-----C-----T--AG--A-- 6903
SMM.US.x.H9
-----C-----T--AA-----C--GGCT--T--G-----A-----A-----A-----A-----C-----C--CA-----C-----T--A--A-----G--T-----M-- 6424
SMM.US.x.PBJ.6P6
-----C-----T--AA-----C--GGCT--T--G-----A-----A-----A-----A-----C-----C--CA-----C-----T--A--A-----G--T----- 6910
SMM.US.x.PGMS3
-A-----C-----T-----AG--C--A--C--GGCT--T-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----C--TA-----C-----T--AG--A-- 6955
SMM.US.x.SNES43
-A-----C-----T-----AG--C--A--C--GGCT--T-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----C--TA-----C-----T--AG--A-- 6954
STM.US.89.STM_37_16
-----C-----T-----AA--A-----C--GGCT--T-----G--C-----A-----A-----A-----A-----C-----T--A--A-----G--A--T--C-----T--G--A-- 6598

MAC.US.x.239	AGATAGATGGGGATTGACAAAATCAATAACA.....ACAACAGCATCAACAATCAACGACAGCATGAGCAAAAGTAGACATGGTCAATGAGACTAGTTCTTGTATGCCAGGATAATTC...ACAGGCT	7081
Env	D R W G L T K S I T T T A S T S T T A S A K V D M V N E T S S C I A O D N C T G	
A.CI.88.UC2	GA--ACACCAATGCC--GCCAA-CC--C.....G-G-C-G-C-G--C-CAACC-TT--TC-TAC--AA-A--A-G-TC-A-C--G-G-GCA-C--A--7111	
A.DE.x.BEN	GA--CCAC-ACCCC--ATCCAGG-CCT-G.....AGT-C--C-G-GAC-C-CA-T-CGC--CCTC--AA-A--A--TC-AAC-C--AAA-CA-C-CA--G--A--7175	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	--G--CA-TAACAGC--GTGAGGG-GC.....A-GTCCC--G-AT-A-C--A--C--A--A-CA-C-GC--T-AT--7110	
A.FR.09.LA38	CACAG-GACACGACC--CGG--GGT-C.....C-GTC--ATGGC-A-CA-CAA--GG-CA--ACA-CC-A--C-CTT-C-A-C--TA-A-TA-C-GC--C-A--7174	
A.FR.01.LA42	--CACA.....C-GTC--ATGGC-A-CA-CAA--GG-CA--ACA-CC-A--C-CTT-C-A-C--TA-A-TA-C-GC--C-A--7174	
A.FR.02.LA36gomM	CA-C-C-ACCAT-GCC--CCCA-GCCT-T.....C-GAA-A--A-C-C-CCCA-GGA-A-A--ACTC-A-A-CG-GAAGGCA-C-C--T-A--7158	
A.FR.93.LA37	G-CG-AGACCAC-ACTC--CCA-TCTG.....C-TC-AACATA--A--C-A-TT-C-A-CG-AAGA-TA-C-C--T-A--7132	
A.FR.96.LA40	CTCA-C-AACTC-ACC--CCAT-C-C.....C--ATGAGCT--CCCC--GGT-T-A--GA-TC--TA-C--AA-GCAAGC--C--G--A--7147	
A.FR.98.LA39	-A--GTCAACAACAG-C-A-CCCT-A.....A-C-A--AGCA-A-CG-AG-AGCCA-A-A--T-ACTC-A-C--CG-ACA-C-C--G--A--7036	
A.FR.98.LA41	-A--CG-CAG--ACA--C-C-GCCT-G.....C-CA-C-AT-A-CG-AGG-ACAGCCC-A-C-A-TCCG-A-C--AA-ACA-C-C--T--G--7174	
A.GH.x.GH1	CA-C-C-ACCAC-ACAGGG-GCA--C-GGG.....ATGTCA-AG-TAA-TGAA-C--CCATC-TA-TCA-C-C--T-A--6580	
A.GM.87.D194	GAC--CCGC-ACCCC--GTCC-C--AC-TT.....ACA-AA-AG--A-A-TC-A-C--G-G-CA-C-C--T-A--6580	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	GAGCGC-GTT-C-ACT--GCC-TCTGG.....CGTA-AT-AA-CCC--GACAGA-A-A-G--A-TCC--A-C--CG-GCAA-C--T-A--6602	
A.GM.x.MCN13	-AGG-ACACAACACAC-C-C-A--GC-T-C.....C-GA-T-CA-TAA-TGAC-C--CCA-GCGGTGCA-C-C--A--6574	
A.GW.86.FG clone_NIHZ	CACAT-GACA--GAG--G-CA-CCA-AT.....AGCA--T--AG-CACAA-A-G--C-A-TC-C--C--CG-ACAA-C-C--T-A--7163	
A.GW.87.CAM2CG	T--C-C-CACTATGA-A-GG-C-A-C-C-C-C.....GCCACCGCAG-C--A-CA--TC-G-G-C-A--CAT-G-C--GGAACACA-CCA-A-G--A-TC-C-A-C--CG-GCA-C-C--T-A--6637	
A.GW.x.MDS	CAGCGC-A-CAC-AG-AC-C-A-C-C-AC.....-GG-ACGCAACACA-C-GC-C--C--C--C-CA-CA-CCCGAG--AT-A--AGGCTC-C-A-C--AATA-TA-C-GC--T-A--7136	
A.IN.07.NNVA	-GG-ACGCAACACA-C-GC-C--C--C.....G-GG-GC--CA-C-C--CCATA--A--AC-C--A-C--GCA-GCAA-C--T-A--6908	
A.IN.95.CRIK 147	CACA-CCACAACCGCAC-C-C-AGC-C-GT.....G-GG-GC--CA-C-C--CCATA--A--AC-C--A-C--GCA-GCAA-C--T-A--6908	
A.JP.08.NMC786 clone_41	T-CAGCCAACAACAC-GGG-T-G-TCC-AC.....TTCC--A-C-C--TCCCAG--AT-A--A-ACTC-A-C--AAA-TA-C-GC--T-A--7142	
A.NL.01.RH2.14	CAC-GC-AATAC-ACAG-TGC-C-C-G-G.....AACGCA--CA--CG--ACA--A-CA-A-A--AAT-TATG-A-A--TC-C-A-C--GCG-GCA-C-C--T-A--7198	
A.NL.01.RH2.13	T-CAGCCGACAACAC-GGGC-A-TCC-AC.....A-A-CA-CCCCAG--AT-A--AGGCTC-C-A-C--AATA-TA-C-GC--T-A--7136	
A.NL.01.RH2.7	T-CAGCCGACAACAC-GGGC-A-TCC-AC.....A-A-CA-CCCCAG--AT-A--AGGCTC-C-A-C--AATA-TA-C-GC--T-A--7136	
A.NL.01.RH2.5	T-CAGCCGACAACAC-GGGC-A-TCC-AC.....A-A-CA-CCCCAG--AT-A--AGGCTC-C-A-C--AATA-TA-C-GC--T-A--7136	
A.NL.03.RH2.5	CAGC-ACACAA-TACA--C-C-A-CAG-GC.....A-CA-G-G--GG-CA-G-C-CAA-AG--T-ACTC-A-C--CG-ACA-C-C--G--A--7145	
A.NL.03.RH2.21	CACA-CACATCCACA--C-C-GCCT-G.....GACCAGACA-ATGG-GAC-TC--AC-A-C--A-TCCG-A-C--AA-ACA-C-C--T--G--7131	
A.NL.03.RH2.24	--GAGACACAACACAC-C-GAGC-C-G.....G-C-C-CA-CC--TCCCAG--T-CAA-AG--C-AATCCA-A-C--AA-GCAA-C-C--T--AA--7145	
A.PT.x.ALI	--G--CACAAACACAT-CCCCAGCCC-GGG.....AGCA-CTCAA-CC-C-A-A--GCGA-C-A-C--AAGGA-C-C--CCC-GG-AC--T-A--6609	
A.SN.85.R0D	CAGC-C-G--AACAC--CC--AG-GC.....A-AGC--CA--C-C-CA--ACC-G-AGC-AGA-A-A-G--GA-C-C-A-CGC-CG-GCA-C-C--T-A--6609	
A.SN.86.ST_JSP4_27	-A-A-ACACAACC-CC--CC-A--CC-C.....A-A-GC-AACACA-CAA-AGGA--A-TC--A-C--CG-ACA-C--C--G--6593	
B.CI.88.UC1	CA--CTACTACTAAAC-T-TTA-T-C-C-T.....ATT-T-TA-TAA-C-TC-A-A-T-AC--C-C-A--C-A--TAAAA-T-C--C--C-G-AA-7144	
B.CI.x.20.56	-A-C-CTAACAACT-TGG-T-CT-T.....TGGAAT-TA-T-C-CC-ATAG-A-A--AG-A-T-C-A-G-TAAGTCA-C-C--T-G-AA-7130	
B.CI.EH0	CTCAGCTA-CAA-GA-C-CTA-GTCT-C.....G-GT-GCT-G-TT-CTCAGC-C-AC--C-AGA--CAAA--TCAAA--C-C-G-T-G-AA-7128	
B.FR.00.LA44	-GAGCCAATACCACC-TCTC-C-C-CC-TC.....G-C-TA-T-TT-T-C-CC-CT-C--C-AT--GAC--A-G-C-CTA--G-TAAAA-T-C-C--T-G-A--7144	
B.FR.98.LA43	G-GGGCAATA-CACTGTC-CCC-TCCG-C.....G-C-CA-CA-CAATGCCACCCTTC-A-T-C--AC-ACA-A-G--CAAA-T-C-GC--G-AA-7133	
B.GH.86.D205 ALT	-A-CCC-G--AATGCC-GT-GTA-T-CC-C.....T-AGC-T-T-CA-C--TCGTGGGC-GA-A-C-A-T-C--A-AGACC-A-C--AAAA-T-C-GC--AC-7136	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	CACAGCCCAACACCAC--GCCAAC-AT-TC.....C-TAAG-CA-AGT-C--GA-A-GAC-A--CCGAG-T-C-C--T-A-6274	
F.US.08.NMK08	--A-A--T-A--CAAGCA-A.....ACAACAACACA-C-GCA-A--CAGC--AC-CA-CA--G-A-A-GGAAA-T-G-GC-A-GAAA--C--AATG-CA--C--G-A--6520	
G.CI.92.Abt96	-A-C-A--TC-A--GGGA-C-CC-T.....GT--CC-TG--GTTC-C-A-TAA-ATG-TG-C-CT-AC-A-G-AGC--CCAG-CT-ATGT-C--T--TA-6494	
AB.CM.03.03CM_510_03	CACACCCCA-AATACC--C-CGG-AT-C.....ACA-AA-AG-G-T-A-GACC--AGTAGAA-C-C--T-A--6239	
H2.01.AB.CI.90.7312A	CACC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC.....CA--AGAGC-CA-A-GG-GGCCAGA-A-A--A-TT-C-A-C--GCG-ACA-C-C--A--7145	
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	CA-C-C-AACAC-CCA-CCCT--AC-T.....A-GGGCCACAC--A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--A--7127	
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	CA-C-C-AACAC-CCA-CTCTC--AC-T.....A-GGGCCACAC--A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--A--7126	
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	CA-C-C-AACAC-CCA-CTCTC-CCC-C.....T-TC-A-C-A-GGC-A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--A--7138	
U.CI.07.07IC TNP3	--C-A--G-A--GG-A-G-G-G.....ACAACA--GTC-A-AC-A-G-A-ACAT-A--G-G-TC--AGAAA-A-GA-AGA-C--AG--A--A--6596	
U.FR.96.12034	-A-----A--GG-A-GC-G.....A--TAGCC-AG-ATGCA-A-TC-AGTA-AG-AA-A--A-AGAGC--CGAA-TA--GC--T-A--6626	
MAC.US.x.251.1A11	-----A-----TC-----A-CA-G-G-C--A-G-ATG--A--A--A-----TT--T-----7077	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----A-----T-----A-G-C-G-C-A-G-G-T--A--A-----A-----A-----T-----7079	
MAC.US.x.251.BK28	-----A-----TC-----ACAATA-----G-C-----G-AC-T--A--A-----T-----A-----7063	
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-----A-----TC-----ACAACAGCAT--A--A--G-A-A-T-GT-AG-C-AG--A-----C--G--TT--T-----6576	
MNE.US.82.MNE.8	-----A-----TC-----A-----C-----G-AT-C-A-AA-G-AGG-C-A-AG-----A-----AAT-T-----6549	
MNE.US.x.MNE027	-----A-----TC-----ACA-----G-----C-----AA-A-A-A-AAGG-A--AG-----A-----AAT-GT-----6552	
SMM.CI.79.SIVsmC12	-----A-----G-----GG-AAC-CG-G.....GCAGCACCTACAACCACGACAACA--G-T-A-G-G-GTA-A-G--GG-G--TA-A--T--C-GAA--AGGA-T--G--T--C--AC-6231	
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-A--G-----G-A--G-A-TC-----A--A-C-T-A--A--C-AGA-AAT-T-----A-A--A--TCAC--GC-AA-CA--C--T--T--AA-6140	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-AGA-----T-A--G-GGG-G-G-T.....ACAACTACAG-TG-A-TA--AGG-----T-TT-A--TCCCT-TA-GGAAT-A--C-A--TC-GA-AA-T-C--T--CA-6169	
SMM.SL.92.SI92B	--C-----G-----G-G-GCT-T.....ACTACTGCTCACCA-T-TA-TAGCC-CTT-A-TG-TG-TAGCC-T-GG-AG-A-C-T-C-C--TG--G--AGGA-CA-C--T--T--A--6523	
SMM.US.04.G078	--C-A-----A--GGGA-C-----ACAACAACAACAACAACAACAGGCC--A-G-AA-T-AG-A-GC-T-GC--AG-T-G-C-T-G-C--G--AGGA-CA--G--T--A--6565	
SMM.US.04.G932	-----C-----GGGT-T-----ACA-----AT-GT-G-C-A-TT-A-G-A-G--CT-AA-CCAGAT-A--A-AGA-C-----AAAA-T-----A--6339	
SMM.US.04.M923	-----C-----T-A--G-A-C-G-----TCAACAACAATAACAATAAT--A-G-----C--T-CAGG--TG-GC-A-GG-T-A--C-G-C-A--AAAA-T--G--T--T--6348	
SMM.US.04.M940	-----C-A--GGAC-C-GA-ACAGGGAACACAACAGCAACAACCAACCAACCAACCAACAGG--A-AG-AC--A-GGA-ACA-A-T-G-GGAAT-GGAATA-GG-CA-A-G-A-C--AGGA-T-C--T--A--6383	
SMM.US.04.M947	-----A-----A--GG-A-CC-----ACAATGAAACCAACAACAACAAG--T-A--GGG--G--C-A--A-C-AT-C-C-A-AG-TT-A--A-G-GA-C-A--AGTTTA-----A--6354	
SMM.US.04.M950	-----A-----A--GGGA-CGG-T-----A--G-C-GT-A--AG--A-C-GC-C-TTGA-C-A--A-AGAC-----AAGA-T-C--T--A--6336	
SMM.US.05.D215	-----C-----C-----GG-GT-CAGG-----ACA--C-A-G-T-----A--A--AAGGCTA--A-CA-A-C-T-AC--G-A-G--CAAA-CA--GC--T--C-T--A--6338	
SMM.US.06.F10	-A-C-----C-A--GGCACTTCGAC-----ACA-----A-GT--C-TAGCG-C-A-A-TA--A-G-AA-GTGAAA-A--C--GACC-C-CT-CAAGGTA-C-C--T--GA-6360	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----G-----T-----GGAACGC-GGG.....ACAACAACAACA-----A-A-----G-G-A--C--AGT-TGGC--A-A-TG-TA-A--A-G--A-C--C--AAAA-TA--G--T--G--7078	
SMM.US.86.FU212	-----C-A-G-----A--GG-A-GC-G.....CCACCAACA-----AGA-CT-AG--A-T-A--A-A-C-CC--CT-GAA--A--T--CGAAC-C-G--AAA-TTA-C-C--T--G--A--6333	
SMM.US.x.F236.H4	-----G-----T-----GG-AACC-GGG.....ACAACA-----AT--A-G-A-C-AGT-T-GC-A-A-TG-TA-A--A-G-A-C--C--AAAA-TA--G--T--G--7034	
SMM.US.x.H9	-----MC-----T-A--GG-GS-CC-G.....ACAACA-----CA-A-T--A-C-AC-T-C-AT-T-C-A-GG-T-A--C-G-GA-C-----AGAATTA-----T--6555	
SMM.US.x.PBJ.6P6	-----C-----T-A--GG-A-CC-G.....CCAACAACAACAACAACA-----CA-G-T--A-C-A-T-C--C-A-GG-T-A--C-G-GA-C-----AAAA-TA-----T--7056	
SMM.US.x.PGMS3	-----C-----G-----A-----GAATGA-T-----CCAACAACAACA-----A-A--A-GCC--AAG--A-G-AT--C--A-AG-TA-A--A-G-GA-C-----AG-A-CA-----T--7015	
SMM.US.x.SNES43	-----G-----T-----GG-AG-GC-GAG.....ACAACAACAACA-----G-A-T--A--A--A--T-C-CC-A-GG-TA-A--A-G-GA-C-----AG-A-CA-----T--G--7091	
STM.US.89.STM_37_16	-----C-A-----GGGAA--C-GT-----TGA--C-----G-G-AG--G-A--GCC--GT-A--A--A-A-C-C--G-AGTA-CA-C-C-----6723	

Table of HIV-2/SIV Complete Genomes alignments. Columns include V1 loop end, V2 loop start, and V2 loop end. Rows list various sequences (e.g., MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2) and their corresponding nucleotide alignments with reference sequences. The table ends with a reference sequence: TGGAACAAGAGCAAAATGATAAGCTGTAAATTCACATGACAGGGTAAAAAGAGACAAGAAAAAGATCAACATGAACTGGTACTCTGCAGATTTGGTATGTGAA... CAAGGGAATAACACTGGTAATGAAAGTAGATGTTACATGAACCACTGTAAC 7239.

V3 loop start

Table with columns: Strain/Accession, Sequence alignment (Q T S T W F G F N G T R A E N R T Y I Y W H G R D N R T I S L N K Y Y N L T M K C R R R P G N K T V L P V T I M), and Position/Score (7609 to 7218). Includes strains like MAC.US.x.239, B.CI.88.UC2, SMM.US.04.G078, etc.

MAC.US.x.239
 Env
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12 KR KRCC
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36gomM
 A.FR.03.LA37
 A.FR.06.LA40
 A.FR.09.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.07.D194
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FG c1one NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CRIK 147
 A.JP.09.NMC786 c1one 41
 A.NL.01.RH2 13
 A.NL.01.RH2 14
 A.NL.01.RH2 3
 A.NL.01.RH2 5
 A.NL.02.RH2 7
 A.NL.03.RH2 21
 A.NL.03.RH2 24
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.RD
 A.SN.86.ST JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20 56
 B.CI.x.EH0
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IMCJ KR020 1
 F.US.08.NMK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM 510 03
 H2 01 AB.CI.90.7312A
 H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
 H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251 1A11
 MAC.US.x.251 32H PJ5
 MAC.US.x.251 BK28
 MAC.US.x.MM142 IVMXX
 MNE.US.02.MNE 8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmC12
 SMM.LR.89.SIVsmL1B1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.F10
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.FU212
 SMM.US.x.F236 H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ 6P6
 SMM.US.x.PGMS3
 SMM.US.x.SNES43
 STM.US.89.STM 37_16

V3 loop end
 CTGGATTGGTTTCCACTCACAAACCA.....ATCAATGATAGCCAAAGCAGGCATGGTTGGTTGGAGGAAATGGAAGGATGCAATAAAAGAGTGAAGCAGACCATTTGTCAACATCCCAGGTAT.....ACTGGA...ACTAAC.....AATACT 7722
 S G L V F H S Q P I N D R P K Q A W C W F G G K W K D A I K E V K Q T I V K H P R Y T G T N T
 -A--CATAGG--T--T--GG--GTC--CA-A-AA-T-GA--C--AA--C-C--A-GA-C-GC-G--C--CAGG--AA--C-T--G--7755
 -A--A-A-G--T--T--G--CACA--T-G--CC--C-G--G-A-A-C-GC-G--A-C--AC--A-C--AA--TC--T--G--A 7804
 -A--GAGA--G--T--C--G--GATC--A--A--C--C--C--TG--T--A--C--GC-G--A--A--C--G--GA--TC--T--G--C--A 7748
 -A--A-A-T--T--C--G--G--ACAC--A--C--G--A--C--AA--CG--A--C--GC-G--A--AG--C--CG--AA--TC--T--G--C--A 7817
 -A--G--CAAGA--T--C--GG--GTA--C--A--G-AA-T-G--A--C--AA--T--C--GC--A--C--GC-G--A--C--C--AG-T--A--AA--GGG--TTTGGCGAA--C--TA 7744
 TA--AAGA--AT--T--AC--G--GTA--A--A-AA-T--A--CAA--C--G--G--A--C--GC-G--A--C--A--A--AA--C--A--A 7799
 -A--G--CAAA--T--C--GG--GTA--A--A-AA-C-GA--A--C--C--C--C--G--C--G--G--G--A--A--A--A--AC--C--G--C--A 7776
 -A--G--A--G--T--C--G--GATC--A--A-AA-C-GA--A--C--CAA--CG--G--A--T--GCT--G--A--C--CA--A--GGC--G--CGTA 7773
 -A--CAC--G--T--C--G--GATC--A--A-AA-C-GA--A--C--CAA--CG--G--A--T--GCT--G--A--C--CA--A--GGC--G--CGTA 7773
 -A--GCAAGG--T--G--G--GATC--AAACA--A--C--G--A--CC--CA--G--C--RC--A--C--GC-G--T--G--A--C--AAAG--A--G--C--T--G--C--A 7665
 -A--G--A--G--T--C--G--G--GTA--ACA--A--T--G--A--C--CAA--C--G--G--A--C--GC-G--A--C--A--A--AA--C--C--A 7221
 -A--GCGAAGG--T--T--GG--GTC--TA--CA--A-AA-TGG--CA--C--C--TA--A--C--GCGG--A--A--C--CA--C--GGA--A--T--G--A 7215
 -A--CCGCAGA--T--C--G--GAAGATC--A--A-AA-C-G--A--CC--CAA--CG--G--A--C--GC-G--A--A--C--A--AA--C--T--G--C--A 7221
 -A--G--AAG--T--C--G--GGTC--A--A--A--C--GA--A--C--CAA--TG--G--A--C--GC-G--G--A--C--CA--A--AA--C--T--G--C--A 7237
 -A--G--TAAG--T--C--G--GTC--A--A-AA-C-G--A--CC--CAA--CG--G--A--C--GC-G--A--A--C--A--AA--C--T--G--C--A 7215
 -A--GCAAGA--T--C--GG--ATC--T--A--A--C--G--A--C--CAA--C--C--CA--A--C--GC-G--A--A--C--CGG--G--A--AA--G--AC--GGAGC--C--TA 7810
 -A--A--G--T--T--C--G--G--AGA--A--T--G--A--C--CAAG--C--C--G--AGA--C--GC-G--A--G--A--A--A--C--AG--C--GT--TA 7278
 -A--C--A--G--T--T--C--G--G--ACC--A--T--GA--A--C--CAA--C--G--A--C--GC-G--A--A--C--CAG--C--GG--C--T--A 7799
 -A--ATAAG--T--T--C--GG--GTA--ACA--A--T--A--A--C--CAA--CCGG--C--C--GC-G--A--A--G--CAG--G--G--T--C--G--C--A 7546
 -A--GCAAGG--T--T--C--G--GTA--T--ACA--AA--T--A--A--C--CAA--CG--G--AA--G--CT--GG--G--AG--A--C--AAAG--GA--C--T--G--C--A 7806
 -A--G--A--G--T--C--G--G--ACA--A--C--G--A--C--CAA--C--T--CA--A--C--GCGG--A--A--C--CG--AA--C--T--G--C--A 7795
 -A--A--G--T--C--G--G--CACC--A--T--GA--A--C--CAAG--CG--T--GA--C--GC-G--A--G--C--CG--AG--C--T--G--A 7827
 -A--G--A--G--T--C--G--G--ACA--A--C--G--A--C--CAA--CG--T--CA--A--C--GC-G--A--G--A--C--CG--AA--C--T--G--A 7774
 -A--G--A--G--T--C--G--G--AGA--A--C--G--A--C--CAA--C--T--CA--A--C--GC-G--A--G--A--C--CG--AA--C--T--G--A 7783
 -A--A--A--G--T--C--G--G--AGA--A--C--G--A--C--CAA--TG--G--GA--A--C--GC-G--A--A--C--AAGG--G--AAAAG--TT--T--GTC--A 7777
 -A--GAAAGG--T--T--C--G--GTA--CA--A-AA-C-G--A--C--CAA--TG--T--G--A--C--GC-G--A--C--A--G--GA--C--A--A 7811
 -A--G--A--G--T--C--G--G--A--A--A--C--G--A--C--CAA--TG--G--C--A--C--C--G--AG--C--A--AG--T--A--AA--C--T--G--A 7786
 -A--G--AA--A--T--C--G--G--A--A--A--C--GA--A--C--CAA--CG--G--A--A--C--GC-G--G--A--C--A--AA--C--T--G--C--A 7785
 -A--CAT--G--T--C--TACCAGCCG--A--A--A--C--GA--A--C--CAA--C--G--A--C--GC-G--G--A--C--CA--A--AA--C--T--G--C--A 7253
 -A--G--A--G--T--C--G--G--AGA--A--C--G--A--C--CAA--CG--G--A--A--C--GC-G--TA--C--CA--AA--C--T--G--C--A 7231
 -A--C--AA--T--G--G--T--C--ACC--A--C--GA--T--C--AAG--C--TA--A--C--GG--A--G--CA--A--AA--C--T--G--C--A 7776
 -A--GCGAAGA--T--G--GG--TGTT--A--G--A--C--GA--A--T--C--AG--C--CA--G--C--GG--A--G--G--CA--G--A--TA--C--T--C--TC 7753
 -A--TA--TC--C--T--G--T--A--A--T--A--T--C--CA--C--C--CA--A--C--G--G--A--G--A--G--G--G--C--C--AA--A--T--A 7663
 -A--GCAAAA--T--G--G--GTATC--C--ACC--A--C--A--T--C--AG--G--C--TA--GG--C--GG--G--A--A--C--A--AA--GTA--A--C--TC 7779
 -A--C--A--T--G--T--C--G--G--AGA--A--C--GA--A--T--C--AAG--T--CA--A--C--G--AG--CA--A--C--A--AATAAATCTG--G--T--G--A--A 7789
 -A--C--AC--T--G--T--A--G--A--C--GA--A--T--C--AAG--C--CA--A--C--G--AAG--CA--A--C--A--AA--GGTG--A--A--TC 7774
 -A--TC--AA--C--T--G--T--T--C--A--A--C--G--A--T--C--C--CA--G--T--G--CA--G--A--A--A--G--C--C--G--C--A 6894
 -A--C--T--G--T--G--T--G--A--A--A--A--G--A--G--AA--G--C--CC--G--AG--C--T--A--CA--C--A--C--A--T--G--A 7161
 -A--GC--A--C--T--T--G--G--A--A--C--GA--T--C--A--C--C--CA--A--C--G--G--A--G--A--G--G--G--C--C--AA--A--T--G--C--A 7135
 -A--C--A--G--T--T--G--CCGC--T--GA--A--C--C--A--C--C--CA--A--C--G--G--A--C--A--A--G--A--C--AG--C--T--G--G--A 6883
 -A--G--A--G--T--C--G--G--T--A--A--T--T--G--A--C--CAA--CG--G--A--C--GC-G--A--C--A--A--AA--C--T--G--C--A 7786
 -A--G--A--G--T--C--G--G--ACA--A--T--G--A--C--CAA--C--G--A--C--GC-G--A--C--A--A--AC--AC--GA--C--TA 7768
 -A--G--A--G--T--C--G--G--A--C--A--T--G--A--A--C--CAA--C--G--G--A--C--GC-G--A--C--CA--A--T--A--C--A--C--TA 7761
 -A--G--A--G--T--C--G--G--A--C--T--GA--A--C--CAA--C--G--G--A--C--GC-G--A--C--A--A--AC--AC--A--C--TA 7791
 -A--G--A--G--T--G--G--A--A--C--A--C--C--T--G--GT--A--G--CC--G--A--G--A--C--G--A--A--TC--T--G--A--T 7240
 -A--C--A--G--T--T--G--T--A--C--AT--A--A--T--T--T--A--GG--CC--G--A--G--A--C--C--C--T--CA--T--C--G--A--T 7264
 -CA--A--T--A--A--A--T--G--7718
 -A--T--A--A--T--G--7720
 -A--A--A--T--G--7704
 -C--G--G--A--T--G--7217
 -A--A--A--A--A--T--G--7190
 -A--A--A--A--T--G--7193
 -A--G--A--T--C--T--G--T--A--A--A--A--T--G--G--A--G--C--G--G--A--C--A--C--AG--GGA--C--T--G--A 6872
 -A--A--A--T--T--C--G--T--A--G--A--A--A--T--G--GTC--GAA--A--C--G--C--A--AG--A--T--A--C--T--G--A 6778
 -A--A--A--T--T--C--G--T--A--G--A--A--A--T--C--AA--GG--G--A--G--T--C--G--A--AG--A--C--C--A--A--T--G--A 6807
 -A--T--C--T--T--G--T--A--G--G--GA--A--C--C--AA--GG--G--A--T--GC--G--T--A--A--A--C--C--A--C--T--G--A 7158
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--C--GT--A--G--C--CC--G--A--AG--A--G--G--A--T--G--A 7003
 -A--G--C--T--T--G--T--A--G--A--A--T--CC--G--C--GA--G--C--G--C--G--AA--T--A--A--T--G--A 6980
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--CC--G--C--A--GG--C--CGG--A--C--G--T--G--A--G--G--A 6989
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--GA--A--C--C--G--G--G--GA--C--G--A--C--G--A--T--GA--AATAAATAA--G--C--T--A 7030
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--GA--C--CC--A--G--G--CGA--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--A--A--G--T--G--A 6992
 -A--GC--A--C--T--TG--G--A--G--A--T--G--A--C--C--C--G--AC--G--G--C--G--A--T--G--A--AA--GA--G--A--T 6986
 -A--C--C--T--T--C--T--A--C--A--GA--A--C--T--ATCA--T--GC--G--A--A--C--A--A--A--A--G--C--T--G--A 7004
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--C--GC--A--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--A--G--T--G--A 7716
 -A--G--A--T--T--G--C--A--G--A--GA--C--C--C--A--GC--TCA--C--G--T--G--A--C--T--G--A 6974
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--C--A--GC--AA--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--G--A--T--G--A 7672
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--C--G--A--G--C--CCG--A--GMAM--T--G--AG--T--R--K--Y 7199
 -A--G--C--T--T--G--C--A--G--A--A--C--C--G--AA--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--G--G--T--G--A 7694
 -A--G--A--C--T--G--C--A--G--A--A--A--C--CC--GT--GA--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--A--G--T--G--A 7650
 -A--G--A--C--T--G--C--A--G--A--A--A--C--CC--GT--GA--G--C--CC--G--A--G--A--T--G--A--G--T--G--A 7729
 -A--C--C--C--T--G--G--T--G--A--A--A--T--C--G--GA--GA--T--G--A--T--G--A--C--T--G--C--G 7361

V4 loop start

Table with columns for accession numbers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), sequence alignments (D K I N L T A P G G G D P E V T F M W T N C R G E F L Y C K M N W F L N W V E D R N T A N O K P K E), and positions (7893, 7939, 7877, 7932, 7888, 7937, 7926, 7908, 7927, 7947, 7359, 7353, 7356, 7366, 7353, 7948, 7416, 7937, 7687, 7941, 7933, 7965, 7912, 7918, 7915, 7919, 7924, 7923, 7382, 7369, 7914, 7898, 7898, 7914, 7930, 7915, 7029, 7325, 7287, 7018, 7924, 7906, 7899, 7926, 7398, 7413, 7867, 7869, 7853, 7366, 7345, 7348, 7024, 6942, 6971, 7322, 7167, 7144, 7153, 7194, 7150, 7150, 7143, 7156, 7880, 7138, 7836, 7360, 7855, 7820, 7893, 7525).

V5 end

Rev Responsive Element (RRE) start

MAC_US_x_239	GGAAACCAAAATATCACCATGAGTGCAGAGGTGGCAGAACTGTATCGATTGGAATGGGAGATTATAAATAGTAGAGACTCCAATTGGCTTGGCCCCACAGAGTGGGAAGGTACACTACTGGTGCG	8160
Env	G N Q T N I T M S A E V A E L Y R L E L G D Y K L V E I T P I G L A P T D V K R Y T T G G	
A.CI.88.UC2	8169
A.DE.x.BEN	8215
A.DE.x.PE12 KR KRCC	8159
A.FR.09.LA38	8234
A.FR.01.LA42	8161
A.FR.02.LA36gomM	8237
A.FR.93.LA37	8205
A.FR.96.LA40	8187
A.FR.99.LA39	8073
A.FR.98.LA41	8332
A.GH.x.GH1	7635
A.GM.87.D194	7629
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	7635
A.GM.x.MCN13	7642
A.GW.86.FG clone NIHZ	7626
A.GW.87.CAM2CG	8227
A.GW.x.MDS	7692
A.IN.07.NNVA	8207
A.IN.95.CRIK 147	7970
A.JP.08.NMC786 clone 41	8217
A.NL.01.RH2.13	8209
A.NL.01.RH2.14	8247
A.NL.01.RH2.3	8188
A.NL.01.RH2.7	8194
A.NL.02.RH2.5	8197
A.NL.03.RH2.21	8198
A.NL.03.RH2.24	8203
A.PT.x.ALI	8199
A.SN.85.ROD	7661
A.SN.86.ST_JSP4_27	7645
B.CI.88.UC1	8202
B.CI.x.20.56	8167
B.CI.x.EH0	8206
B.FR.00.LA44	8244
B.FR.98.LA43	8206
B.GH.86.D205 ALT	8191
B.JP.01.IMCJ KR020 1	7308
F.US.08.NMK08	7611
G.CI.92.Abt96	7576
AB.CM.03.03CM 510 03	7294
H2 01 AB.CI.90.7312A	8206
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	8188
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	8178
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	8205
U.CI.07.07IC TNP3	7684
U.FR.96.L2034	7699
MAC_US_x_251 1A11	8156
MAC_US_x_251 32H PJ5	8158
MAC_US_x_251 BK28	8142
MAC_US_x_MM142 IVMXX	7655
MNE_US_82_MNE 8	7634
MNE_US_x_MNE027	7637
SMM.CI.79.SIVsmC12	7313
SMM.LR.89.SIVsm1B1	7222
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	7257
SMM.SL.92.SL92B	7608
SMM.US.04.G078	7453
SMM.US.04.G932	7430
SMM.US.04.M923	7442
SMM.US.04.M940	7480
SMM.US.04.M947	7439
SMM.US.04.M950	7442
SMM.US.05.D215	7429
SMM.US.06.F10	7445
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	8169
SMM.US.86.FU212	7427
SMM.US.x.F236_H4	8125
SMM.US.x.H9	7649
SMM.US.x.PBJ 6P6	8144
SMM.US.x.PGMS3	8106
SMM.US.x.SNES43	8182
STM.US.89.STM_37_16	7811

	Env gp120 end_Env gp41 start	
MAC.US.x.239	ACCTCAAGAAATAAAAGAGGGGCTTTGTGCTAGGGTCTTGGGTTTTCTCGCAACCGCAGGTTCTGCAATGGGCGCGCGTGTGACGCTGACCGTCCAGTCCCGAACTTTATTGGCTGGGATAGTCAGCAACCAACCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACA	8330
Env	T S R N K R G V F V L G F L G F L A T A G S A M G A A S L T L L T A Q S R T L L L A G I V V Q Q Q Q L L D V V K R Q Q	
A.CI.88.UC2	C-AG-G-G-C-T-G-C-G-A-T-A-C-C-G-C-C-A-A	8339
A.DE.x.BEN	C-AGT-G-C-T-G-C-G-A-CG-CC-T-A-C-C-C-C-A	8385
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	C-ACAG-G-C-T-G-AG-G-A-T-G-TC-G-CT-AC-G	8329
A.FR.09.LA38	CA-GGG-C-C-T-G-C-G-A-C-T-A-T-G-T-G	8404
A.FR.01.LA42	CAGC-G-G-C-T-G-C-G-A-A-C-T-T-G-T-G	8331
A.FR.02.LA36gomM	CA-GAG-CC-T-G-C-A-T-G-T-G-C-C-C	8407
A.FR.93.LA37	-AAGG-C-C-C-T-G-C-A-T-G-T-G-T-G	8375
A.FR.96.LA40	C-AGT-G-C-G-T-G-C-A-A-G-A-AG-T-G-T-G	8357
A.FR.98.LA39	C-AAGG-C-C-T-G-C-G-A-A-T-G-TC-T-G	8253
A.FR.98.LA41	CA-GAG-C-C-T-G-C-G-A-C-T-A-T-G-T-G	8402
A.GH.x.GH1	C-AGT-G-C-T-G-G-A-G-CC-T-G-T-G-C-C	7805
A.GM.87.D194	C-AGT-G-C-T-G-C-G-A-G-A-GC-T-G-T-G-C-C	7799
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	C-AGGG-C-C-G-T-G-C-C-A-A-G-A-G-T-G-T-G	7805
A.GM.x.MCN13	C-AATG-G-C-G-T-G-C-A-A-C-T-G-T-G-T-G	7812
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	CA-CAG-C-C-T-G-C-A-A-C-T-A-T-G-T-G	7796
A.GW.87.CAM2CG	CA-GGG-CC-T-G-C-A-A-AGT-T-A-C-T-G-T-G	8397
A.GW.x.MDS	CA-GGG-C-C-T-G-C-A-A-G-C-T-T-G-T-G	7862
A.IN.07.NNVA	T-AGG-C-A-C-T-G-C-C-A-A-C-T-T-G-T-G	8377
A.IN.95.CRIK_147	C-GGG-C-C-T-G-C-AA-A-A-A-C-T-T-G-T-G	8140
A.JP.09.NMC786_clone_41	C-GGG-T-AC-C-A-A-AG-T-G-T-G-T-G	8387
A.NL.01.RH2_13	C-AGT-G-GGA-T-G-C-A-A-AG-T-G-T-G-C-C	8379
A.NL.01.RH2_14	CA-GAG-GC-C-T-G-C-A-A-C-T-A-T-G-T-G	8417
A.NL.01.RH2_3	C-AGT-G-G-A-T-G-C-A-A-A-G-T-G-T-G-C-C	8358
A.NL.01.RH2_7	C-AGT-G-GA-T-G-C-A-A-A-G-C-T-G-T-G	8364
A.NL.02.RH2_5	CA-AGG-C-AGC-T-G-C-G-A-A-T-G-T-G-C-C	8367
A.NL.03.RH2_21	C-GG-G-G-T-GCCA-T-G-T-G-T-G-C-C	8368
A.NL.03.RH2_24	C-GGTG-G-T-G-C-A-A-T-G-T-G-T-G-C-C	8373
A.PT.x.ALI	C-AAGG-G-T-G-C-A-A-AG-T-A-T-T-T-G	8369
A.SN.85.ROD	CA-GGG-C-C-T-G-C-A-A-CC-CG-T-G-T-G-C-C	7831
A.SN.86.ST_JSP4_27	C-AGT-G-T-A-C-A-A-A-AG-T-G-T-G-T-G	7815
B.CI.88.UC1	-AC-G-G-T-AA-G-AC-T-T-AA-C-T-A-T-G-C	8372
B.CI.x.20_56	-AC-G-G-G-AA-G-C-T-A-T-G-T-G-T-G-G	8357
B.CI.x.EH0	-AC-G-G-T-AA-G-C-T-G-T-G-T-G-T-G-C	8347
B.FR.00.LA44	CAACAG-GGG-T-ACC-G-T-A-C-T-T-A-C-G	8414
B.FR.98.LA43	-AAC-G-G-T-AA-G-A-A-C-T-T-A-T-T-A-C	8376
B.GH.86.D205_ALT	-AAC-G-G-T-AA-G-A-A-C-T-T-AA-T-T-A-C	8361
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-AC-G-G-G-T-ACC-G-T-A-A-T-T-T-G-C-T-G	8378
F.US.08.NMK08	-AC-G-G-G-T-A-A-T-A-C-T-A-T-G-T-G-C	7781
G.CI.92.Abt96	-AC-G-A-T-A-T-A-T-T-T-A-A-T-G-T-G-G	7746
AB.CM.03.03CM_510_03	C-AGGG-G-T-A-A-T-A-C-T-G-T-G-T-G-C	7464
H2_01_AB.CI.90.7312A	C-GGGG-C-T-A-C-A-G-A-AG-C-T-G-T-G-C	8376
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	C-AGGG-C-G-T-G-C-A-A-A-GGT-C-T-A-T-G	8358
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	C-AGGG-C-C-ATA-GC-C-A-G-A-AGT-T-G-T-G	8348
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	C-AGAG-C-G-T-G-A-A-A-AGT-T-A-T-G-T-G	8375
U.CI.07.07IC_TNP3	-AC-G-G-G-A-G-T-T-A-T-T-T-T-T-G-T-G	7854
U.FR.96.12034	-AC-G-G-G-A-A-T-C-T-T-T-T-T-T-G-T-G	7869
MAC.US.x.251_1A11		8326
MAC.US.x.251_32H_PJ5		8328
MAC.US.x.251_BK28		8312
MAC.US.x.MM142_IVMXX		7825
MNE.US.82.MNE_8		7804
MNE.US.x.MNE027		7807
SMM.CI.79.SIVsmC12	C-TG-C-G-T-A-A-T-G-A-C-T-T-T-G-T-G	7483
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-ATG-CCA-T-A-A-T-G-A-C-T-G-T-G-G	7392
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-AG-G-A-T-G-A-C-T-T-G-T-G-T-G	7427
SMM.SL.92.SL92B	-AG-G-A-T-G-A-C-A-T-T-G-T-G-T-G	7778
SMM.US.04.G078	-C-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7623
SMM.US.04.G932	G-G-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7600
SMM.US.04.M923	G-G-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7612
SMM.US.04.M940	G-G-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7650
SMM.US.04.M947	G-G-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7609
SMM.US.04.M950	G-G-G-G-A-T-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G	7612
SMM.US.05.D215	-AC-G-G-T-G-C-T-A-A-A-C-T-G-T-G-T-G	7599
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	G-G-G-G-A-T-G-C-T-G-T-G-T-G-T-G-T-G	7615
SMM.US.86.FU212	-GC-G-A-T-G-A-G-A-T-G-T-G-T-G-T-G	8339
SMM.US.x.F236_H4	G-G-G-G-A-G-A-CG-T-G-T-G-T-G-T-G	7597
SMM.US.x.H9	G-G-G-G-A-G-A-T-G-T-G-T-G-T-G-T-G	8295
SMM.US.x.PBJ_6P6	G-G-G-G-A-G-A-CG-T-G-T-G-T-G-T-G	7819
SMM.US.x.PGMS3	G-G-G-G-A-G-A-CG-T-G-T-G-T-G-T-G	8314
SMM.US.x.SNES43	G-G-G-G-A-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G-T-G	8326
STM.US.89.STM_37_16	-C-G-C-G-A-G-A-C-T-G-T-G-T-G-T-G-T-G	7981

MAC.US.x.239
Env
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.06.LA40
A.FR.08.LA39
A.FR.08.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.x.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2 13
A.NL.01.RH2 14
A.NL.01.RH2 3
A.NL.01.RH2 7
A.NL.02.RH2 5
A.NL.03.RH2 21
A.NL.03.RH2 24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.08.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NNC307 20
H2 01 AB.JP.07.NNC716 01
H2 01 AB.JP.08.NNC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.L2034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.02.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM 37_16

```
CACCAAGGTGGAACCAATGAGACTTGGCAAGATGGGAGCGAAAGGTTGACTTCTTGGAAAGAAATAAAGCCCTCTAGAGGAGGCAACAATTCAACAAGAGAAGAACATGTATGAATTACAAAGTTGAATAGCTGGGATGTTTGGCAATGGTTGGACCTGGCT 8658
T P K W N N E T W Q E W E R K V D F L E E N I T A L L E E A Q I Q Q E K N M Y E L Q K L N S W D V F G N W F D L A
---T-GA-----AT-A-G-A-AAA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-A-A-G-A-T-----C-----C-----TT-AA-C 8667
-G-TG-C-A-AT-A-G-A-AA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-A-A-C-A-T-----A-TC-----C-----TT-AA-C 8673
-TG-T-----CAT-G-G-A-A-A-C-AACCCG-GA-C-A-G-C-C-GTAGATCGT-C-A-C-----GC-A-A-----A-TC-----TT-AA-C 8657
---TG-T-----AT-A-A-AGA-CCG-A-C-G-T-C-GTAAAGT-C-A-C-----G-A-A-----GC-A-A-----A-TC-----TT-AA-C 8732
T---TG-----CAT-A-A-A-A-A-AA-CCGT-A-C-A-G-C-C-GT-AT-AGT-C-C-----G-G-A-----T-----C-AC-AG-----T-----C-----TT-AA-C 8659
A---TG-T-G-AT-A-GC-A-A-A-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AGAGT-T-AC-----G-A-----GC-A-A-----T-----TA-GA-C 8735
GT---TG-T-----CAT-A-A-A-A-A-CG-CA-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-T-C-----G-G-A-----T-C-----C-AC-T-GC-AG-----T-----A-C-----TT-GA-C 8703
---TGCT-G-CAT-A-C-A-AAAAC-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-TA-AAT-AC-----G-A-----T-----C-A-A-----A-----TT-AA-C 8685
---TG-T-C-A-CAT-A-G-A-AGA-A-C-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-AC-A-----G-A-----T-----C-A-A-----A-----TT-AA-C 8571
---TG-T-G-A-CAT-A-G-A-AGA-CCG-A-C-G-T-C-GTAAAGT-C-A-C-----G-A-----A-----GC-G-----A-----A-----G-----G-----TT-AA-C 8730
-G-TG-C-----AT-A-G-A-AAA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-AC-A-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----C-----G-----TT-AA-C 8133
---TG-C-----AT-A-G-A-AAA-CGA-CC-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-AC-----A-----T-----C-----C-AC-A-----C-----TT-AA-C 8127
---TG-T-----CAT-A-A-A-AC-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AGAGT-AC-----C-G-A-----T-----GC-G-----C-A-----T-----TT-AA-C 8133
-G-TG-----AT-G-A-A-AG-C-AA-CCG-GA-C-G-C-C-GTCAA-AAT-AC-A-----G-A-----T-----GC-A-----T-----TT-AA-C 8140
---TG-T-G-T-CAT-A-C-A-A-ACC-AA-CAGT-C-A-G-C-C-GT-AAAAT-AC-A-----C-T-----G-A-----G-----GC-T-----A-----T-----TT-AA-C 8124
---TG-T-----AT-A-G-A-G-A-A-AA-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT-A-----C-G-A-----T-----GC-A-----A-----C-A-----T-----TT-AA-C 8725
A---TG-T-G-A-AT-G-G-A-A-A-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT-A-----C-G-G-AC-----GC-A-----A-----C-----A-----T-----TT-AA-C 8190
T---T-T-A-AT-G-CA-A-A-A-CCG-CA-C-G-C-C-GTCAAAGT-AC-----C-G-G-A-----T-----GC-A-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8705
---TG-T-A-AT-A-T-A-A-A-A-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT-AC-----C-T-----G-A-----G-----GC-T-----A-----T-----TT-AA-C 8468
---TG-T-G-T-CAT-A-GC-A-A-ACC-AA-CAGT-C-A-G-C-C-GT-AT-GT-AC-A-----C-T-----G-A-----A-----GC-G-----A-----T-----TT-AA-C 8707
---TG-T-T-AT-G-G-A-AGA-CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT-AC-----G-A-----T-----GC-G-----A-----C-----T-----TT-AA-C 8745
A---TG-T-G-A-CAT-A-GC-AAAAC-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTAGT-GT-AC-----C-G-A-----A-----T-----C-----TT-AA-C 8686
---TG-T-G-CAT-A-GC-AAAAC-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTAGT-GT-AC-----C-G-A-----A-----T-----C-----TT-AA-C 8692
---T-T-----AT-A-G-A-A-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGT-AC-----C-G-A-----T-----GC-A-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8701
---TG-T-G-CAT-A-GC-A-AGA-CACCCGTGA-C-A-G-C-C-GTAGAT-GT-AC-A-----G-A-----T-----GC-AC-----A-----C-----T-----TT-GA-C 8696
---TG-T-G-CAT-A-G-A-AAT-AAACCCGTKA-C-A-G-C-C-GTAAAGCGT-AC-A-----C-G-A-----T-----C-----AC-A-----A-----C-----TT-GA-C 8701
A---TG-T-G-CAT-G-A-A-A-C-AA-CCGT-A-C-A-G-C-C-GT-AA-AGT-ACG-----G-A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8697
---TG-C-G-----AT-G-G-A-AAA-C-A-CCG-A-C-G-C-C-GTAAAGT-AC-----C-G-A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8159
-G-TG-----CAT-A-G-A-A-CGAA-CCG-AA-C-A-G-C-C-GT-AAAGT-AC-----C-G-A-----A-----T-----C-----TT-AA-C 8143
---G-C-G-A-CAT-A-C-AAAACGA-CC-T-----T-C-----GT-----A-----T-----G-A-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8700
AG-C-C-----CAG-CAT-A-GC-A-GAG-CC-A-----T-C-----CAAT-AT-A-----G-A-----G-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----CAT-----T-----TT-AA-C 8665
---G-C-----CAT-A-C-A-AA-CC-A-CCG-A-C-G-C-C-AAAT-GC-A-----T-C-----CAAT-GT-G-A-----G-A-----G-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----CAA-----T-----TT-AA-C 8742
A---G-A-----CAT-A-GC-AGC-C-CA-A-----T-C-----CAAT-GT-G-A-----G-A-----G-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----CAA-----T-----TT-AA-C 8742
A---G-T-GGT-CAT-A-C-AAAAC-A-CCGT-----T-C-----T-A-----A-----C-----G-A-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----CAA-----T-----TT-AA-C 8704
---T-T-----CAT-A-C-AAAAC-A-CC-T-----T-C-----G-T-GT-A-----T-----G-A-----G-----A-----T-----GC-G-----A-----A-----CAA-----T-----TT-AA-C 8689
---T-C-G-----CAT-A-GC-AAAAC-CCG-----T-C-----AAAT-AT-A-----T-----G-A-----A-----AG-----CA-G-----G-----A-----CAA-----T-----TT-AA-C 8706
A---T-G-----CAT-----AA-A-A-TC-CAC-----C-C-A-----T-G-C-----G-A-----A-----T-----C-----A-----C-----AAC-G 8109
AG-C-A-----T-AT-A-A-AAAAC-A-CA-T-----G-C-C-----CGG-AT-A-A-----G-A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8086
-G-T-C-G-----AT-A-GC-A-GA-CCG-GA-C-A-G-C-C-GTCAA-TT-AC-G-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----TT-AA-C 7792
---TG-T-G-CAT-G-C-A-AAA-C-AA-CCG-GA-C-G-C-C-GT-AAAGT-AC-----C-G-A-----T-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8704
---TG-C-G-CAT-G-C-A-AA-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAAGT-AC-----C-G-A-----T-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8686
---TG-C-G-CAT-G-C-A-AA-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GTATAAGT-AC-----C-G-A-----T-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8676
---T-A-G-CAT-G-C-A-AAC-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAAGT-AC-----G-C-----G-A-----T-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8703
A---TG-C-----CAT-G-A-AGT-A-AA-AGA-----G-----T-----T-AT-G-A-A-----T-----A-----A-----T-----C-G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 8182
---T-T-G-T-AT-G-A-GA-GA-AGA-----G-----CAG-AT-A-CA-T-A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----TT-AA-C 8197
---G-C-----T-----G-----A-----A-----8654
---G-C-----T-----G-----A-----A-----8656
---G-T-----G-----G-----A-----A-----8640
---T-----G-----G-----T-----A-----A-----8153
---T-----G-----G-----T-----A-----A-----8132
---T-----G-----G-----T-----A-----A-----8135
A---TG-T-----AT-A-AAT-A-CAGAGATC-----G-C-----CT-AAATCAT-G-----A-----A-----A-----T-----G-G-----A-----A-----C-----TT-AA-C 7811
A---T-T-----G-AT-A-AA-G-----C-T-----G-C-----CAAG-AT-A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----TT-AA-C 7720
---G-T-----T-AT-A-AA-G-----C-T-----G-C-----CTGA-GT-A-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----TT-AA-C 7755
TC---G-C-----AT-A-A-AA-----C-A-----G-C-----TCAAAGT-G-A-----G-C-A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8106
-G-T-T-----T-AT-C-A-A-----C-ATC-A-G-C-----T-AGA-GT-G-A-----A-----G-C-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AG-A-----A-----TT-AA-C 7951
T---G-C-----T-CAT-AAA-A-----TC-A-G-C-----T-CTAA-GT-A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 7928
---TG-C-----AT-C-AAA-C-----GA-----C-A-----G-C-----TCAAT-AT-G-A-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AG-----T-----TT-AA-C 7940
---TG-T-----T-AT-C-A-----TC-A-G-C-----CTTGA-GT-G-A-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----AG-----T-----TT-AA-C 7978
-G-T-T-----AT-AA-C-----C-A-----G-C-----TCAAT-GT-G-A-----A-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 7937
TG---G-A-----AT-A-C-----C-T-----G-C-----TA-GT-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 7940
---T-----AT-A-AA-C-----T-TC-A-G-C-----T-CAAA-G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 7927
A---G-C-----AT-A-AA-C-----A-CT-A-C-A-G-C-----T-CAG-AAT-G-A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----TT-AA-C 7943
TG---T-----G-AT-A-AA-C-----C-A-----G-C-----TCAAT-AT-A-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8667
---G-T-----T-CAT-A-A-----ATC-A-G-C-----GCTT-AT-A-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 7925
TG---T-----AT-AA-C-----C-A-----G-C-----TCAAT-AT-A-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8623
---T-RC-----AT-Y-AAA-C-----GA-----C-A-----G-C-----TSAATYAT-G-A-----A-----G-----AM-----T-----G-----A-----A-----SK-----N-----T-----Y-----K-----TT-AA-C 8147
---T-C-----AT-AAA-C-----GA-----C-A-----G-C-----TCAATCAT-G-A-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8642
TG---T-----AT-AA-C-----GA-----C-A-----G-C-----TCAGCAT-G-A-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8604
TG---T-----G-AT-AA-C-----C-A-----G-C-----TCAAT-AT-A-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8680
T---GG-T-----AT-A-G-A-----A-----TC-T-G-C-----CAA-GT-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----A-----TT-AA-C 8309
```


MAC.US.x.239
 Env
 Tat exon 2
 Rev exon 2
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEH9
 A.DE.PE12_KR_KRCG
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36gomM
 A.FR.03.LA37
 A.FR.06.LA40
 A.FR.98.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FG.cIone_NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NMVA
 A.IN.95.CR1K_147
 A.JP.08.NMC786.cIone_41
 A.NL.01.RH2.13
 A.NL.01.RH2.14
 A.NL.01.RH2.3
 A.NL.01.RH2.7
 A.NL.02.RH2.5
 A.NL.03.RH2.21
 A.NL.03.RH2.24
 A.PT.x.ALT
 A.SN.85.ROD
 A.SN.86.ST.JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20_56
 B.CI.x.EHO
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205_ALT
 B.JP.01.IMCJ_KR020_1
 F.US.08.NMK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM_510_03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
 H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
 H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC_TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_32H_PJ5
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.MN142_IVMXX
 MNE.US.82.MNE_8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.F10
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.AGJ_6P6
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SME543
 STM.US.89.STM_37_16

Tat end

ACTGCCAAACAGAGAAGGCAAAAGAGAGCGGTGGAGAAGGCGGTGGCAACAGCTCTGGCCTTGGCAGATAGATAATATTCCTTCATCGGCAACTGATACGCCCTCTTGACTTGGCTATTGACAACTCGACAACCTTGCTATCGAGAGTATACCATCTCC	8998
H C Q P E K A K K E R D G G E G G G N S S W P W Q I E Y I H F L I R Q L I R L L T W L F S N C R T L L L S R V Y Q I L L	
T A N Q R R Q R K R R W R R R W Q Q L L L A L A D R I Y S F P D P T D T P L D L A I Q Q L N L A I E I S I P D P P	
-A--GG--AC--AA-C--G--CC--C-C-A--T--GA--T--C--A--C--C--A--GC--A--TG--CT--T--G--A--T--GGA--A--CGGAAC--C--C--C--G--9007	
-A--G--AC--A-C--GA--TC--C-A-A--TT--GA--TG--CA--A--C--G--G--G--A--T--TC--G--A--A--T--GA--A--C--AGAAC--C--C--C--G--9053	
-A--GA--AC--AA-C--CGA--CC--A-CA--AT--AG--G--CA--C--A--A--G--G--A--T--G--CT--CG--A--A--GT--AGGA--A--C--GAGC--T--C--C--G--8997	
-A--G--AA--AA-C--GA--T--AGC-A--AG--A--T--C--C--C--CA--A--TG--T--CA--A--A--C--GGA--A--TC--GAGC--T--C--C--9072	
T-A--GA--AA--AA-C--GA--T--CA--CCA--AT--TG--CA--C--CT-G-C--A--TG--T--CG--A--A--T--GGA--AG--C--GA-C--C--C--8999	
-A--G--AC--AA-C--GA--G--T--CAA--AG--A--T--C--C--C--A--A--A--G--GGA--A--C--GA-C--T--C--9075	
-A--GA--AA--T--GA--G--T--CA--CA--T--AG--A--TG--A--T--CG--A--A--T--AGGA--A--C--GA-C--C--T--9043	
-A--G--AA--AA-C--GA--T--CA--C--C--AGG--A--T--C--CC--C--A--T--TG--T--CG--A--A--T--GGA--A--C--GA--CC--C--9025	
-A--G--AA--AA-C--GA--G--T--CA--C--A--AGG--A--T--C--T--A--C--TG--T--CG--A--G-A-GA--T--G--A--A--C--GA-C--C--T--8911	
-A--GA--AC--AA-C--G--T--CA--CA--AGG--A--T--G--T--CG--A--A--T--G--A--A--C--GA-C--C--T--9070	
-A--G--AC--A-C--GA--ACA--C--A--A--TT--GA--TG--A--C--A--C--A--A--A--T--CT--CG--A--AGT--GA--A--C--CGAAC--C--C--A--8473	
-A--G--AC--AA-C--GA--CC--C--A--A--TTT--G--TG--CAC--A--C--A--A--A--T--CT--CG--A--A--G--GG--A--C--AGAAC--C--C--C--G--8467	
-A--GA--AA--C--GA--T--GA--C--A--T--A--G--A--TG--C--CAC--A--A--A--G--GGA--A--A--G--AGGA--A--C--GAGC--T--C--C--8473	
-A--G--AA--AA-C--GA--T--CA--A--T--AG--G--G--C--AG--A--A--T--A--G--T--G--GA--A--A--T--GGA--A--C--GA-C--C--T--C--8480	
-A--G--AA--AA-C--GA--T--AGCAA--AG--A--T--C--C--A--A--T--TG--T--CG--A--A--T--GGA--A--C--GA-C--C--C--8464	
-A--G--C--AA--C--GA--T--GCAA--AG--A--T--G--G--C--CG--A--A--T--GGA--A--C--GA-C--T--C--9065	
-A--GA--AA--C--GA--T--GCAA--AG--A--T--C--C--C--A--A--T--TG--T--CG--A--G-A-A--G--GGA--A--C--GA-C--T--T--C--8530	
-A--GA--A-C--GA--T--CAA--AT--A--T--C--C--C--A--A--A--T--CT--CG--A--A--G--AGGA--A--C--GAGC--T--T--C--9045	
-A--G--A--T--GA--T--CAA--TT--A--T--A--C--C--C--A--A--T--TG--A--T--G--CA--A--A--G--AGGA--A--C--GAGC--T--T--C--8808	
-A--GA--A-C--GA--T--CAA--T--AG--TG--C--AG--A--A--T--G--T--CA--A--GAGT--G--G--A--C--GA-C--T--C--9055	
-A--G--AA--C--GAC--CCA--C--A--C--AG--TG--C--AG--A--A--T--TG--GT--T--TCG--A--A--TT--GGA--A--C--GACC--T--C--9047	
-A--G--AC--AA-C--GA--T--AGCAA--AG--A--A--C--C--C--A--A--T--TG--A--T--TCG--A--G-A-A--G--GGA--A--C--GACC--T--C--9085	
-AC--G--AA--AA-C--GAC--TCA--C--A--C--AG--TG--CA--AG--A--A--T--TG--T--TCG--A--T--GGA--A--C--GACC--T--C--9026	
-A--G--AA--AA-C--GAC--TCA--C--A--C--AG--TG--C--AG--A--A--T--TG--T--TCG--A--T--GGA--CA--C--GACC--T--C--9032	
-A--GA--AC--AA-C--GA--G--T--CAA--A--A--TG--C--C--C--CA--A--A--G--T--CA--A--A--T--G--A--A--C--GAGC--T--C--9041	
-A--GA--A--T--CGA--G--T--CA--T--A--TG--C--AC--T--A--A--G--G--C--A--A--G--A--T--G--A--A--C--GA-C--C--T--9036	
-A--GA--A--T--CGA--G--C--CAA--T--AG--G--C--C--T--T--A--A--G--C--T--A--A--A--G--C--A--G--A--T--G--A--CA--C--GA-C--T--T--9041	
-A--G--AC--AA-C--GA--T--CAA--T--GG--A--TG--C--C--C--T--A--A--TG--AGCT--TCG--G--A--T--GGA--A--C--GA-C--C--C--9037	
-A--G--AC--AA-C--GA--T--AGCAA--AG--A--A--C--C--C--C--A--A--TG--AGCT--TCG--G--A--T--GGA--A--C--GA-C--C--C--8499	
-A--G--AA--AA-C--GA--T--CA--CA--T--AG--AT--GG--C--C--AG--A--G--T--ACA--A--A--T--GGA--A--C--GAGC--T--C--C--8483	
-A--G--AC--AA-C--GAC--A--C--AA--G--CTT--A--T--C--CGC--C--T--T--GGAA--T--G--A--A--GG--G--A--A--G--T--AGACC--C--A--9040	
-A--G--AC--AA-C--GAC--A--AG--AA--G--ATT--A--T--C--CGC--C--T--T--GGAA--T--G--A--A--GG--G--A--A--T--T--AGCC--C--A--9005	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--A--CAA--AG--T--A--T--C--C--C--C--C--T--GGGA--T--A--GG--G--A--AT--A--AGACC--T--A--C--9015	
-A--G--AC--AA-C--GAC--A--C--AA--G--T--T--A--T--C--C--C--C--C--T--GGAA--T--G--A--GA--GG--G--A--A--G--T--AGACC--C--A--9082	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--A--C--A--AG--A--T--A--T--C--A--C--C--T--C--A--G--GGGA--A--A--A--G--A--G--T--AGACC--TT--A--9044	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--A--C--A--AG--A--T--A--T--C--A--C--C--T--AC--G--G--GGAA--A--T--A--G--A--G--T--AGACC--T--A--9029	
-G--G--C--AA-C--GA--GA--A--CA--AG--A--T--A--C--C--C--C--C--T--GGAA--A--T--A--A--G--G--A--G--T--AGA--C--T--ACC--8146	
-GA-G--A--G--GA--AAA--A--A--C--G--C--GT--T--G--A--G--GA--AA--AC--GAGC--T--C--C--8449	
-W-----A--AA-T--G--AA--A--CAAA--T--A--T--M-----G--AGGGA-----A-----G--AA-CYT--CT-----8426	
-A-----C--AA-C--GA--GA--A--C--A--G-A-T--A--T--C-----CG-----T--C-G--G--GAA--A--T-----A--A--GG-----A--G-T--AGACC--C--A--8132	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--A--C--A--G--T--A--T--C-----C--C--C--C--A--T--G--GGAA--T-----A--GA--GG-----A--G-T--AGACC--T--A--C--9044	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--AGC-A--AG--T--A--T--C-----C--C--C--C--A--T--G--GGAA--T-----G--GAAGG-----AGACC--T--A--9026	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--AGC-A--AG--T--A--T--C-----C--G--C--C--A--T--G--GGAA--T-----A--GAAGG-----AGACC--T--A--9016	
-A--G--AC--AA-C--GA--GA--AGC-A--AG--T--A--T--C-----C--G--C--C--A--T--G--GGAA--T-----A--GAAGG-----AGACC--T--A--C--9043	
-A-----A--AA-C--G--CAA--T--TT--A-----A-----C-----A-----G--T-----A-----T--T--G--T-G--CAGAGC--T-----G--8522	
-A-----A--G--AA-T--CA--T--A--T-----A-----AG--A-----GA--G-----A-----T-----G-----A-----G--GA-----C--GA-T-G-----G--8537	
-----G-----9894	
-----G-----8996	
-----G-----8980	
-----G-----8493	
T-----A-----A-----GCA-----A-----T-----C-----8472	
-A-----A--C--G-----GCA-----T-----G-----A-----8475	
-G-----AC--A--C--GA-----CAA--T--A--T-----A-----G--A--T--T-----G--A--A-----GGA--AG--T--GA-C--T-----G--8151	
-A-----T--A--T--GA--GA-----C--CAA--T--A--T-----A-----G-----G--A--A--T-----G--T-G-----TC--GA-C--G-----A--8060	
-A-----A--A--T--CGA--A-----A--CA--T--C--A-----A-----G-----AT--T-----G-----A--T--TG--CTCG--AGC--C--CC-----A--8095	
-G-----A--A--C--G--A-----A--C--A-----AT--A--TG-----A-----GA--A-----A--A--T--TG--CTCG--AGC--C--CC-----A--8446	
-C-----A--G--AG--G--A-----CA--T-----A--T-----GT--AG--T-----G-----A--G-----G--T-G-----T--GA-C-----G--8291	
-G-----AC--G--AAGG--GA-----GCAA-----A--T-----G-----T--G--T-----G-----A--G-----G--T-G-----T--GA-C-----G--8268	
-A-----A--AG--G--A-----A--CA-----A--T-----GT--A-----T--G--T-----G-----A--GT-----GGAT--G--T--GAGC--G--A-----8280	
-C--C--A--AGG--G--A-----CA--A-----T--A-----A-----C-----A-----C-----G-----T-----G-----T--GA-C-----G--8318	
-A-----A--AG--G--G-----GCA--A-----A--T-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----GAT--G-----T--GAGC-----8277	
-A-----GA--G--A--T--G--A-----C--A--A-----G--A-----T-----C-----A-----G-----T-----G-----T--GT--C-----T-----A-----8280	
-A-----A--A--T--G--A-----T--CAA--T-----A--T-----G-----C-----C--T--AC-----GT--C-----A-----G-----A-----G-----G--T-G-----ACAGA--C--G-----C--8267	
-C-----A--AG--G--G-----CA--A-----T--A-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----T--G-----T--GACC-----G--9007	
-A-----A--A--T--GA--GA-----TATC--A-----T--A-----T-----GT--C--T-----G--A-----GT-----G-----T--GAC-----A--8265	
-C-----A--AG--G--G-----CA--A-----G--A-----T-----GT-----G-----GGAT--G-----T--GAGC-----8963	
-A-----A--AG--G-----RC--A-----A--T-----R-----G-----A-----GT-----GT-----GGAT--G-----T--GANC--G--A--C-----8487	
-A-----A--AG--G-----GCA--A-----A-----T-----GT-----GT-----GAT--G-----T--GACC--G-----A--C-----8982	
-A-----A--AG--G-----CA--A-----G--A-----T-----G-----T-----G-----A-----G-----AT--C--T-----A-----8944	
-C-----A--AG--G--A-----CA--A-----G--A-----T-----C-----A-----G-----GGAT--G-----T--GAC-----9020	
-A-----A--A--C--GA--GA-----CA--A-----A--T-----A-----A-----C-----GA--G-----G--AG-----G--A--A-----T-----GG-T-GT-----C--GA-C-----C--8649	

MAC.US.x.259
 Env
 Nef
 Rev exon 2
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEH
 A.DE.PE12 KR_KRCG
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36comM
 A.FR.03.LA37
 A.FR.06.LA40
 A.FR.98.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FLone_NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NWVA
 A.IN.95.CR1K_147
 A.JP.08.NMC786_clone_41
 A.NL.01.RH2_13
 A.NL.01.RH2_14
 A.NL.01.RH2_3
 A.NL.01.RH2_7
 A.NL.02.RH2_5
 A.NL.03.RH2_21
 A.NL.03.RH2_24
 A.PT.x.ALT
 A.SN.86.ROD
 A.SN.86.ST_JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20_56
 B.CI.x.EHO
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205_ALT
 B.JP.01.IMJC_KR020_1
 F.US.08.NWK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM_510_03
 H2_01_AB.CI.90_7312A
 H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
 H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
 H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.071C_TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_32H_PJ5
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.MN142_IVMXX
 MNE.US.x.MNE_8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G0932
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.F10
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ_6P6
 SMM.US.x.PGMS3
 SMM.US.x.SME543
 STM.US.89.STM_37_16

	Rev end	Nef start			
AAACAACTCTCAGAGGCTCTCTGCGACCTACAGAGG.....ATT CGAGAAGTCTCAGAGACTGAACCTACTCAATAATGGTGGAGCTATTTTCATGAGGCGGTCCAGGCGCTTGAGATCTGCGACAGAGACTCTTGGGGCGGTGGGGAGC			9156		
Q P I L Q R L S A T L Q R I R E V L R L T E L T Y L Q Y G G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L A G A W G D					
			M G G A T S M R R S R P S G D L R Q R L R A R G E T		
	T N T P E A L C D P T E	D S R S P Q D *			
G-TG-CTC---AT---GACAGCA	CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-C-A-G	CGAG-GGA-A-A-TT---A-AA-GCA-GA---G	A-G-GG-9153		
G-TG-CTC---T---TCAGAGAG-A-ACA-CA	CA-G-CTGG-G-ACT-AC-A-AG-C-A-G	CGAG-GGA-A-A-T-C---T-C-TCCA-GA-A-G	A---TGG-9197		
A-DE---PE12 KR_KRCG	CA-G-CTGG-G-ACT-AC-A-AG-C-A-G	CGAG-GGA-A-A-T-C---T-C-TCCA-GA-A-G	A---A---9155		
A.FR.00.LA38	C-CA-CTGG-G-ACT-A-G-AG-T	CGAG-GGA-A-T-T---A-CAGC-GG-A-A-G	A-A-CA-G-9197		
A.FR.01.LA42	CCA-CTGG-G-CT-A-G-AG-T	A-CGAG-GGA-A-A-AT---A-T-GCC-GG-A-G	A---G-A-A-9157		
A.FR.02.LA36comM	C-CA-CTGGT-G-ACT-A-ACAG-T	CGAG-GGA-A-GA-T---TG-GC-GA---G	CA-G-G-9212		
A.FR.03.LA37	CA-CTGG-G-ACT-A-GCAG-T	A-CGAG-GGA-A-C-CT---T-GC-GG-A-A-G	---AGAGC-9201		
A.FR.06.LA40	CA-CTGG-G-ACT-A-AG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---C-GC-GGT-A-A-G	A-AAA-C-CA-G-9183		
A.FR.98.LA39	CA-CTGG-A-ACT-A-AG-G	A-CGAG-GGA-A-T-A-T---A-T-GCA-AGG-A-A-G	A-A-CA-G-G-9069		
A.FR.98.LA41	CA-CTGG-G-AC-A-AG-G	A-CGAG-GGA-A-A-T---T-GC-C-GG-A-AGG	A---CA-G-G-9195		
A.GH.x.GH1	CA-G-CTGG-G-ACT-A-GC-G	G-CGAG-GGA-A-A-AT---A-AT-GCA-AGA-A-G	A---A---G-GG-8619		
A.GM.87.D194	CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G	CGAG-GGA-A-A-T---GA-AT-GCA-GA---G	A---A---G-GG-8613		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	C-CA-CTGG-G-ACTCA-GGCAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---C-GC-GGT-A-A-G	A---A---G-A-GAG-8598		
A.GM.x.MCN13	CA-CTGG-A-A---CGCAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-GA-T---T-GCA-GG-A-G	---A---A---G-8638		
A.GW.86.FLone_NIHZ	CA-CTGG-G-CT-A-GCAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---A-C-TCCA-GA-A-A-G	A---G-A---8622		
A.GW.87.CAM2CG	C-CA-CTGG-G-C-A-G-AG-T	CGAG-GGA-A-A-T---CTGCA-GG---A-G	---CA-G-9202		
A.GW.x.MDS	C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T	CGAG-GGA-A-A-T---T-GC-GGT-A-A-G	A---A---CA-G-G-8667		
A.IN.07.NWVA	C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T	CGAG-GGA-A-A-T---C-GC-GA-A-GG	---A---CA-GAG-9182		
A.IN.95.CR1K_147	C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T	CGAG-GGA-A-A-AT---A-T-GC-GA-GG-A	A---AG-CA---8945		
A.JP.08.NMC786_clone_41	CA-CTGG-G-AGT-A-ACAG-AC	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---A-TT-GCA-GA---G	---G-A---9180		
A.NL.01.RH2_13	CA-CTGGT-G-ACT-A-A-AG-G	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---T-GCA-GG---G	A---G-AA---9205		
A.NL.01.RH2_14	C-CA-CTGG-G-ACT-A-G-AG-T	CGAG-GGA-A-C-T---C-GC-GG---A-G	A---CA-G-G-9222		
A.NL.01.RH2_3	CA-CTGG-G-ACT-A-A-AG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---T-GC-GG---A-G	A---AG-A---9184		
A.NL.01.RH2_7	CA-CTGG-G-ACT-A-A-AG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---T-GCA-GG---A-G	---AG-A---9190		
A.NL.02.RH2_5	C-CA-CTGG-G-A-AG-G-AG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-C-T---T-GC-GG---A-G	A---A---CA-GAG-9178		
A.NL.03.RH2_21	CA-GA-CTGG-G-ACT-A-GACAG-T	G-C-CAAG-GGA-A-A-T---A-T-TCCA-A-A-A-G	---A---A---9161		
A.NL.03.RH2_24	CA-G-CTGG-G-ACT-A-ACAG-T	G-C-CAAG-GGA-A-A-T---A-T-TCCA-A-A-A-G	---A---A---9166		
A.PT.x.ALT	CA-G-CTGG-G-ACT-A-GCAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---G-T-TCCA-GAT---G	A-AAA-A-C---A-9195		
A.SN.86.ROD	C-CA-CTGG-G-ACT-AG-ACAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---C-GC-GGT-A-A-G	---A---CA-G-G-8666		
A.SN.86.ST_JSP4_27	G-CA-CTGG-G-ATT-A-CACAG-T	G-G-ACGAG-GGA-A-A-T---GA-T-GC-GG-A-GG	A-AAA-C---A---G-8641		
B.CI.88.UC1	CCG---CT-TC-TG-A	C-G-ATC-GG-A-A-AA---A-CAAC-GG---G	AA-A-AG-AA---C-9165		
B.CI.x.20_56	CCA---CT-TC-TG-A	C-G-ATC-GG-A-A-AA---A-CAAC-GG---G	AA---G-AA---C-9130		
B.CI.x.EHO	CCG---CT-CC-CTG-A	C-G-ATC-GG-A-A-AA---A-CAGCC-GG---G	A---G-C-A-GAC-9140		
B.FR.00.LA44	CCG---CT-CC-TG-A	C-G-ATC-GG-A-A-AA---A-CAAC-GG---G	AA-A-AG-AA-G-C-9207		
B.FR.98.LA43	CC---CTCCG-CG-A	T-G-ATC-GG-A-A-AA---GA-A-CAGC-GG-A-G	A---G-AG-C-9169		
B.GH.86.D205_ALT	C-A-CTCAAC-AT-CAA	CC---CTCCG-CG-A	T-G-ATC-GG-A-A-AA---GA-A-CAGC-GG-A-G	A---T-G-A-AGC-9163	
B.JP.01.IMJC_KR020_1	T-G-T---A---CAG	ACT-CC-TG-A	C-ATC-GG-A-A-AA---A-CAGC-GG---G	A-AAA-A-AG-AA-G-C-8271	
F.US.08.NWK08	C-AGC-GAC---T-A-CTCAG-GAA-CAGTGCAGCAGCAACAGCA-C-A	CT-TA-A-A---GCC-GT-A-CAGC	CAA-C---TC-A-CC-A-G-CGAT-C-GG---G	AA---G---8619	
G.CI.92.Abt96	GC-GT---A-AA---CAG---C-AGCA	---CAT-C-CTA---GCAG-T-T-CAGC	TCC-GGC-A-A-TG-ACC-A-CAACT-GG---CA	A-AA-A---C---8584	
AB.CM.03.03CM_510_03	---A---CA	CTCCCTG-TG-A	C-G-ATCG-GG-A-A-C-GA-A-CAGC-GG-A-G	---A-T---G-A-AGAC-8257	
H2_01_AB.CI.90_7312A	---GCT---A---CCA	CTCCTGT-TG-G	C-ATCG-GG-A-A-A---A-CAGC-GG-A-GG	---A-A-AG-A-GAC-9169	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	---T-GCT-GA---CCA	CTCCCG-CG-AC	C-G-ATC-GGC-A-A-A---C-GC-GG---G	A---CA-CA-GAC-9151	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	---A-GCT-GA---CCA	CTCCCG-CG-AC	C-G-ATC-GGC-A-A-A---A-CTCG-GG---G	A---CA-CA-GAC-9141	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	---T-CT-A---CCA	CTCCCG-CG-AC	C-ATC-GGC-A-A-A---A-CTCG-GG---G	A---A-CATCA-GAC-9168	
U.CI.07.071C_TNP3	---G-GGGCTG---A	AGAGTA-GACAGCA	CA-CAT-G-CT-GGGAG-R-G	CCAG-GG-A-A-C-A-A-G-AGG-R-G	AA---A---8671
U.FR.96.12034	---G-GT-GT---C	AGAGTA-GACAGCA	CA-CAT-G-CT-GGGAG-R-G	CCAG-GG-A-A-A-AT-A-GT-G-A-G-CG	AGCC-A-G-A---8674
MAC.US.x.251_1A11		G A			
MAC.US.x.251_32H_PJ5		G A			
MAC.US.x.251_BK28		G A			
MAC.US.x.MN142_IVMXX		G A			
MNE.US.x.MNE_8		G A			
MNE.US.x.MNE027		G A			
SMM.CI.79.SIVsmCI2		G A			
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		G A			
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		G A			
SMM.SL.92.SL92B		G A			
SMM.US.04.G078		G A			
SMM.US.04.G0932		G A			
SMM.US.04.M923		G A			
SMM.US.04.M940		G A			
SMM.US.04.M947		G A			
SMM.US.04.M950		G A			
SMM.US.05.D215		G A			
SMM.US.06.F10		G A			
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10		G A			
SMM.US.86.CFU212		G A			
SMM.US.x.F236_H4		G A			
SMM.US.x.H9		G A			
SMM.US.x.PBJ_6P6		G A			
SMM.US.x.PGMS3		G A			
SMM.US.x.SME543		G A			
STM.US.89.STM_37_16		G A			

MAC.US.x.239
 Env
 Nef
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12 KR KRCC
 A.FR.00.LA38
 A.FR.01.LA42
 A.FR.02.LA36gomM
 A.FR.93.LA37
 A.FR.96.LA44
 A.FR.98.LA39
 A.FR.98.LA41
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY 5BL 6669 85
 A.GM.x.MCN13
 A.GW.86.FG clone NIHZ
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.MDS
 A.IN.07.NNVA
 A.IN.95.CRIK 147
 A.JP.08.NMC786 clone 41
 A.NL.01.RH2.13
 A.NL.01.RH2.14
 A.NL.01.RH2.3
 A.NL.01.RH2.7
 A.NL.02.RH2.5
 A.NL.03.RH2.21
 A.NL.03.RH2.24
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.ROD
 A.SN.96.ST JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EHO
 B.FR.00.LA44
 B.FR.98.LA43
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IHCJ KR020_1
 F.US.08.NWK08
 G.CI.92.Abt96
 AB.CM.03.03CM 510 03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NNC307 20
 H2.01.AB.JP.08.NNC716 01
 H2.01.AB.JP.08.NNC842_10
 U.CI.07.07IC TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.251 1A11
 MAC.US.x.251 32H PJ5
 MAC.US.x.251 BK28
 MAC.US.x.HM142 IVMXX
 MNE.US.02.MNE 8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LI.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTQ
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.F236 H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ 6P6
 SMM.US.x.PGMS3
 SMM.US.x.SME543
 STM.US.89.STM_37_16

Env gp41, p160 end
 TTATGGGAGACTCTTAGGAGAGGTGGAAGATGGGACTCGCAATCCCAGGAGGATTAGACAAGGCTTGGAGCTCCTCTTGTGAGGGA.....CAGAAATACAATCAGGGACAGTATATGAATACTCCATGGAGAAACCCAGCTGGAAGAGAGAAAAATAGCAT 9320
 L W E T L R R G R W I L A I P R R I R O G L E S L L L *
 Y G R L L G E V E D G Y S Q S P G G L D K G L S L S C E G Q K Y N Q G Q Y M N T P W R N P A E E R E K L A
 ---TA-G-AG-GCA-C-CATC-G-GG-A-C-G-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AATG-AG-C-G-GAGT-9317
 ---G-AG-AGCG-AC-CATC-G-GG-A-T-G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-A-TG-C-C-C-C-C-G-TCG-G-G-T-C-C-C-AGC-AG-C-G-GATTG-9363
 A-G-G-GTAT-GG-C-AT-G-GG-A-T-G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-ACG-TC-G-G-T-T-C-C-CT-A-C-G-GGG-AC-TTG-9319
 ---G-G-G-G-AG-AT-GTTC-G-GG-T-G-G-AC-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-C-TC-G-A-G-G-T-T-C-AAC-AGA-GG-AGG-9321
 C-G-G-CTAT-GG-C-AT-G-GG-A-T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-A-GG-C-A-A-GG-C-TC-A-C-AG-G-G-GAT-9376
 ---G-G-A-G-ACA-T-G-GG-A-T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-C-C-TC-G-G-G-C-T-C-A-T-A-AG-G-AA-TT-9365
 C-G-AG-AT-GGA-AT-G-GG-GT-GCA-A-A-AG-C-G-G-AGCA-A-TG-C-C-C-G-G-TCG-C-G-G-T-C-A-CG-A-G-AG-GAG-G-AATT-9341
 A-C-AG-GG-ATACATC-G-GG-A-C-G-A-A-A-C-G-G-GCA-A-G-C-C-G-W-CGG-TC-G-G-T-C-A-C-T-A-G-A-GGAAGTT-9359
 ---T-CAG-AG-GCAAC-C-TC-G-GG-A-C-G-A-A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C-C-C-G-TCGG-G-T-TC-C-C-G-AAT-AG-C-G-AAGTT-8783
 ---T-AG-AGCGCAAC-CATC-G-GG-A-C-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-C-G-TCG-G-G-TC-C-C-A-C-ATAG-GC-G-AATT-8777
 ---G-G-G-G-AG-ATC-G-GG-A-T-G-T-AC-A-C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C-C-C-TCG-G-A-G-G-T-C-AAC-A-AG-GA-T-G-8762
 ---G-G-A-GCA-C-GATC-G-GG-A-T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-A-CGG-TC-G-G-C-T-C-C-AA-AG-G-GA-TTG-8802
 G-G-AG-G-G-GCAAC-ATC-G-GG-T-G-AC-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-C-CG-TC-G-G-T-T-G-A-C-A-G-G-G-GA-TTG-8786
 G-G-GA-TGT-ACAAC-CAT-G-GG-A-C-T-GG-A-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-C-CG-TC-G-GG-C-T-C-GC-A-C-G-GA-G-AAT-9366
 ---G-G-AT-GG-AC-AT-G-GG-A-T-GG-A-A-A-C-G-G-GCA-A-G-C-C-C-CG-TC-A-A-GG-C-TC-AAC-AG-G-G-GATT-8831
 ---G-GT-GC-AC-CAT-G-GG-A-T-GG-T-A-A-A-C-G-G-GCA-G-C-C-C-C-G-GA-TC-C-G-GC-G-CCG-G-T-CATCA-C-GAGAGCCG-CG-TTG-9346
 ---G-T-G-AG-GGA-AT-G-GG-A-T-G-A-A-C-G-G-GCA-G-C-C-C-C-CG-TC-A-A-GG-C-TC-AAC-A-A-GG-GACTT-9109
 C-ACTG-CT-G-C-CTTC-G-GG-A-T-G-A-A-C-G-G-GCA-G-C-C-C-C-CGG-TC-G-G-G-C-G-GATT-AGA-C-GG-AAG-9344
 C-G-G-G-G-CCAAC-GATC-G-GG-T-T-G-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-C-A-G-CG-TTGC-G-C-C-C-A-C-AGA-G-AA-TTG-9369
 ---G-GTAT-GG-ACA-AT-G-GG-A-T-G-A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C-C-C-CG-TC-A-A-GG-C-TC-AAC-AG-G-GATT-G-9386
 ---G-G-CCAAT-GCTC-G-GG-G-GT-T-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-A-G-C-TTGC-G-C-C-C-A-C-AG-G-AA-TTG-9348
 ---G-G-C-AT-GATC-G-GG-A-GT-T-G-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-A-A-G-C-TTGC-G-C-C-C-A-C-CA-TTG-9354
 ---G-AT-GG-AC-AT-G-GG-A-T-G-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C-C-CGG-TC-G-G-C-TC-G-G-ACT-A-G-AATT-9342
 CG-G-G-G-C-AC-GATC-G-GG-AC-G-T-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-C-G-G-G-T-C-T-AGC-GA-GGG-GC-TGG-9322
 ---G-G-G-C-AC-GATC-G-GG-T-G-T-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-CG-C-G-G-T-C-AAA-GA-G-GGG-GC-TGG-9327
 ---G-G-AG-GCA-T-G-TC-G-GA-T-G-A-A-C-G-G-GCA-AA-TG-C-C-A-CGG-TC-G-G-T-T-C-AAC-A-G-GA-TTG-9359
 ---AG-GTAT-GGAAC-ATC-G-GG-A-T-GG-T-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-C-TC-G-G-C-T-AGG-A-C-A-G-AATTG-8800
 ---G-A-G-AC-AT-G-GG-A-T-G-G-A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C-C-G-CG-TC-A-G-T-T-C-GC-A-G-GA-GGCT-G-8802
 C-A-AG-C-A-GACA-CGGA-GCA-CA-G-G-A-A-G-C-A-G-C-A-GC-ATGC-AGA-C-AG-G-G-9283
 B.CI.x.20.56 TGCC-A-GAC-A-A-G-G-9248
 CG-GAGTC-C-CG-C-G-GA-CA-T-A-C-C-GC-A-G-C-C-T-AG-CTTTG-GA-C-AG-G-G-9258
 C-G-C-C-CA-CG-GCA-CA-G-CA-C-GC-A-G-C-C-A-CG-AAT-CCC-G-G-GGGG-9325
 G-C-A-CG-CG-GCA-CA-G-A-C-A-AT-A-C-C-A-C-CAAT-CCG-G-GC-GGGG-9287
 C-G-A-CA-CG-GCA-CA-G-A-C-A-A-G-A-G-ATGC-GG-C-AG-G-G-ATGC-GG-C-AG-G-G-9281
 ---G-A-CA-CG-GCA-CG-G-A-C-A-G-C-A-G-C-A-G-ATGC-GG-C-AG-G-G-8389
 ---CA-GG-A-GAT-G-C-G-G-A-G-G-C-G-G-TAAC-AG-A-ATAC-GGGAC-AGCATATA-TC-AGGAG-GTTCATGAAC-CTCTTGGAAAA-CCCAGCTC-GAAG-A-A-8783
 A-A-GG-A-G-T-G-A-G-A-A-C-G-A-G-A-G-AC-CG-T-A-T-C-AAC-A-A-C-G-8748
 ---AG-C-G-G-CG-CG-GC-CA-G-A-A-C-A-A-G-C-ATGC-TG-GG-C-AG-G-G-8372
 ---G-C-GACG-CG-GG-A-CA-G-A-A-C-G-A-A-G-C-C-CCGC-GA-C-AG-G-G-9287
 A-G-C-A-GACG-CG-GG-A-CA-G-A-C-C-A-A-C-C-ACGC-GG-C-AG-G-G-9269
 A-G-C-A-GACG-CG-GG-A-CA-G-A-C-C-A-A-G-C-C-ACGC-GG-C-AG-G-G-9259
 ---G-AC-GC-GG-A-CA-G-A-A-C-G-G-AT-TG-G-A-G-TC-C-G-A-G-AG-G-GC-AA-8835
 C---GG-AC-G-T-G-C-T-GA-T-A-A-C-G-AT-A-TG-C-C-A-GC-T-G-G-A-G-TC-C-G-A-T-C-AAC-G-A-T-CA-8844
 ---G-C-G-T-C-T-GA-T-A-A-C-G-AT-A-G-G-T-A-CTCAGGGC-AGGC-T-G-G-A-G-TC-A-T-C-AAC-G-A-T-CA-8844
 ---A-G-T-A-T-A-G-G-T-A-C-G-AT-A-G-G-T-A-CTCAGGGC-AGGC-T-G-G-A-G-TC-A-T-C-AAC-G-A-T-CA-8844
 ---G-CAA-G-C-T-T-G-G-G-A-A-C-9316
 ---G-T-A-G-A-C-9318
 ---G-T-A-A-9302
 ---G-A-A-C-8815
 ---GG-A-T-T-C-T-A-C-T-T-A-A-G-8794
 ---GG-A-G-T-T-C-T-A-C-T-T-A-A-G-8797
 ---GG-A-GAT-G-T-T-GC-G-A-G-G-A-G-G-T-A-G-CT-TTCAG-G-A-T-T-A-T-A-A-G-C-CAAG-8464
 ---GG-A-GAT-G-T-TGG-T-C-C-G-G-A-G-A-T-CT-G-CC-A-G-G-C-TCG-A-G-AGG-A-A-8376
 A-C-G-ACACAT-G-CGCA-G-A-C-C-G-AT-G-A-T-A-AAT-GC-CA-GG-A-C-C-AG-A-A-8404
 A-GG-AC-G-T-G-CGCA-A-C-G-C-A-TG-TAAC-AG-ATGGA-T-T-GTA-GG-A-T-C-A-C-GCA-CAG-8771
 A-GG-A-G-T-G-T-G-C-C-C-G-G-T-A-CT-T-G-G-A-C-C-G-AAC-A-C-GT-8613
 A-GGAAG-G-TC-G-GA-G-G-AC-C-G-G-A-G-T-AGCT-T-G-G-A-TC-C-T-A-G-A-G-GAGCTG-8590
 ---G-C-T-TC-GG-C-TGGG-A-C-C-C-G-G-A-G-TC-CCCGAGCCA-AGCT-TTG-G-AA-C-T-C-T-G-AAC-A-CT-CA-8646
 ---GG-AC-G-T-GG-AG-G-T-G-A-C-A-C-T-TCT-A-G-TTG-G-A-C-A-T-C-T-G-A-AAT-GA-C-AT-8599
 T-GG-A-G-T-G-G-G-G-A-G-T-A-A-G-G-G-G-A-TC-C-C-T-AAG-A-G-C-AA-8602
 C---GG-A-G-T-G-CGCA-G-C-C-G-T-A-A-G-AGTT-G-G-G-T-C-T-C-T-AAG-G-CGATG-8586
 ---T-AC-G-T-G-T-G-C-C-G-C-G-C-G-C-T-G-G-AG-GT-T-T-T-C-C-G-AG-G-8605
 A-GG-A-G-T-G-TAAC-G-A-C-G-CCT-T-G-G-A-C-C-C-G-AAC-A-GT-9329
 A-GG-A-G-T-G-TAAC-G-A-C-G-CCT-T-G-G-A-C-C-C-G-T-AAG-A-CC-8587
 A-GG-A-G-T-G-TAAC-G-A-C-G-CCT-T-G-G-A-C-C-C-G-AAC-A-C-GT-9285
 A-GG-A-G-T-G-TAAC-G-A-C-G-CCT-TTG-G-T-A-TC-C-T-G-AAC-AG-C-GT-8809
 C---GG-A-G-T-G-A-A-C-C-G-G-A-G-A-TG-A-C-T-CCT-TTG-G-T-A-TC-C-T-G-AAC-A-C-AT-9304
 ---GG-A-G-T-G-A-A-C-C-G-G-A-G-A-TG-A-C-T-CCT-TTG-G-T-A-TC-C-T-G-AAC-A-C-G-AA-9257
 A-GG-A-G-T-G-A-A-C-CG-C-CCT-T-G-G-A-C-C-C-G-A-A-C-A-A-C-GT-9342
 ---A-G-A-G-T-G-A-CGGG-C-A-C-C-C-CCT-G-T-G-A-T-A-T-C-T-G-A-C-A-C-CT-GC-AA-8971

	Premature stop in SMM239		3' LTR U3 start
MAC.US.x.239	ACAGAAAACAAAATATGGATGATAGATGAGTAAGATGATGAC.....TTGGTAGGGGTATCAGT...	AGGCCAAAGTTCCTTAAGAACAATGAGTTACAATTTGGCAATAGACATGTCATTTTATAAAAAGAAAGGGGGGAC	TGGAAAGGATTATTATC 9478
Nef	Y R K Q N M D D I D E * D D D	L V G V S V R P K V P L R T M S Y K L A I D M S H F I K E K G G L E G I Y Y	
A.CI.88.UC2	..AGC-G-.....G-TCGT-T-A-.....CAA-G-A-T-T-T-.....CAT-G-A-A-.....C-CC-G-.....G-T-A-.....G-T-.....9475		
A.DE.x.BEN	..-GC-G-.....G-TCGT-T-.....C-AA-A-TC-T-.....CA-G-A-A-GG-GA-CC-T-.....G-T-A-.....C-.....G-T-.....9521		
A.DE.x.PE12 KR KRCC	..AGC-.....G-CAG-TA-.....A-.....C-AA-.....CC-T-.....CA-G-A-AT-.....GG-CA-T-G-.....G-T-A-.....C-.....T-.....G-T-.....9477		
A.FR.00.LA38	..AGC-.....C-.....TCAG-T-.....C-A-.....A-C-T-.....C-CAAG-T-G-.....A-AT-.....C-CA-T-G-.....G-T-A-.....A-C-.....A-.....G-T-.....9519		
A.FR.01.LA42	..-T-AGC-.....G-.....TTAG-T-.....CAA-.....A-T-.....C-CAAAAT-G-A-AT-.....T-CA-T-.....G-T-A-.....A-.....A-.....G-T-.....9479		
A.FR.02.LA36gomM	..-C-G-.....G-TCAG-T-.....C-AA-A-A-T-T-C-CA-G-A-CA-AA-.....G-CA-T-G-.....G-T-A-.....A-.....A-C-.....A-.....G-T-.....9534		
A.FR.03.LA37	..-GC-.....G-TCAG-T-.....C-AA-.....C-G-.....C-CA-G-A-A-.....G-CA-T-G-.....G-T-A-.....A-.....A-.....G-TC-.....9523		
A.FR.96.LA40	..-GC-.....G-TCAG-T-.....AA-.....A-.....CC-T-.....CAT-G-A-AT-.....G-CAC-T-G-.....G-T-A-.....A-.....G-T-.....9499		
A.FR.98.LA39	..-GC-.....C-.....TCAG-T-.....CAA-.....A-CC-.....C-CA-.....GG-A-G-.....C-CA-T-.....G-.....A-.....G-T-.....9388		
A.FR.98.LA41	..AGC-.....G-TCAG-T-.....CA-.....A-C-T-.....C-CA-.....G-A-.....C-CA-T-.....G-.....A-.....G-T-.....9517		
A.GH.x.GH1	..AGC-G-.....G-TCAG-T-.....C-A-G-A-TC-T-.....CA-G-A-A-.....G-CC-T-.....G-T-A-.....G-.....AA-.....T-.....G-T-.....9838		
A.GM.87.D194	..-T-AGC-G-.....G-TCGT-T-.....C-A-G-A-TC-T-.....T-.....G-A-G-G-.....GA-CC-T-.....C-.....G-T-A-.....A-.....A-.....T-.....9835		
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	..-GC-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....G-.....C-T-AC-.....CAT-G-A-AT-G-.....CA-T-G-A-.....G-T-AG-.....A-.....T-.....G-.....9820		
A.GM.x.MCN13	..AGC-.....G-TC-G-.....T-.....C-A-.....A-CC-.....C-CA-.....G-A-A-.....GA-T-.....CAC-T-G-.....A-.....TG-.....A-.....G-.....9860		
A.GW.86.FG clone NIHZ	..-A-C-G-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....AT-CC-T-.....C-CA-.....G-A-AT-.....C-CA-T-.....G-T-.....A-.....G-T-.....9944		
A.GW.87.CAM2CG	..-GC-G-.....G-TCAG-T-.....C-A-G-.....TC-T-CC-.....CA-G-A-A-.....C-CA-T-.....G-.....A-.....A-.....C-G-T-.....9524		
A.GW.x.MDS	..-T-C-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....ATAC-.....C-CA-.....G-ACA-A-.....G-CA-.....T-.....G-T-.....A-.....A-.....G-T-.....9899		
A.IN.07.NNVA	TAT-GGG-GC-G-ACAA-GG-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....A-CC-T-.....CAT-.....GGACA-AA-.....G-GGA-CC-T-.....T-.....A-.....T-.....G-T-.....9504		
A.IN.95.CRIK 147	..-GC-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....A-T-.....C-CA-.....GG-A-A-.....G-GGA-CA-.....T-G-A-.....G-.....A-.....A-.....G-T-.....9267		
A.JP.08.NMC786 clone 41	..AGC-G-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....T-TC-T-.....C-CAAGT-G-.....A-AA-.....G-CC-T-.....G-.....A-.....A-.....G-T-.....9502		
A.NL.01.RH2.13	..-A-C-G-.....G-TCAG-C-.....T-.....C-A-.....CC-T-.....C-A-.....C-AGG-AT-G-.....C-CA-T-.....G-.....A-.....A-.....G-T-.....9527		
A.NL.01.RH2.14	..AGC-.....G-TCAG-T-.....T-.....C-A-.....CG-T-.....C-A-.....G-ACA-AA-.....GA-CA-.....T-G-.....G-T-.....A-.....A-.....G-T-.....9544		
A.NL.01.RH2.3	..-A-C-G-.....G-TCAG-T-.....T-.....C-A-.....CCGT-.....C-CA-.....GG-AAG-AT-.....T-CA-.....G-.....G-T-.....A-.....G-T-.....9506		
A.NL.01.RH2.7	..-A-C-G-.....G-TCAG-T-.....T-.....C-A-.....TC-T-.....C-A-.....C-AGA-AT-.....T-CA-.....A-.....T-.....A-.....GA-.....G-T-.....9512		
A.NL.02.RH2.5	..-GC-G-.....G-TCAG-T-.....T-.....C-A-.....A-C-T-.....C-CA-.....G-A-A-.....T-CA-.....A-.....T-.....A-.....C-G-T-.....9500		
A.NL.03.RH2.21	..AGC-.....G-TCAG-T-.....T-.....C-A-.....C-T-.....T-GTA-.....C-G-ACA-AAT-.....T-CAC-T-G-.....A-.....T-.....A-.....G-T-.....9480		
A.NL.03.RH2.24	..AGC-.....G-TCAG-TA-.....T-.....C-A-.....C-T-.....T-GTA-.....C-G-ACA-AAT-.....T-CAC-T-G-.....T-.....A-.....A-.....G-T-.....9485		
A.PT.x.ALI	..AGC-.....G-TCAG-T-.....T-.....AGCC-A-.....A-A-T-.....C-CA-.....G-A-AAT-.....C-CA-.....T-G-.....G-T-.....A-.....A-.....G-T-.....9520		
A.SN.85.ROD	..-GC-.....G-TCAG-T-.....CAA-.....A-A-T-.....C-CA-.....G-A-A-.....C-CAC-T-G-.....G-T-.....A-.....A-.....AC-G-.....G-T-.....8958		
A.SN.86.ST_JSP4_27	..AGC-.....G-TCAG-T-.....C-A-.....A-T-.....C-CA-.....G-A-AT-.....GA-CA-.....T-GG-.....G-T-.....A-.....G-.....C-G-.....8960		
B.CI.88.UC1	..-G-GC-.....G-CA-.....GT-.....G-TA-.....A-.....G-.....C-AT-.....A-.....A-C-.....TAGG-A-.....G-.....T-.....CA-.....GA-.....C-.....T-.....9433		
B.CI.x.20.56	..-G-GC-.....G-AA-.....A-GT-.....G-T-.....A-.....G-.....A-CC-AT-.....A-.....A-C-.....GTAAG-A-.....G-.....G-.....CA-.....T-.....C-.....TC-.....9398		
B.CI.x.EH0	..-G-GC-.....G-TCA-.....GGAT-.....G-CA-.....A-.....G-.....CCGT-.....A-.....G-.....CGG-CA-.....A-.....G-.....GC-CA-.....T-.....C-A-.....G-.....T-.....9408		
B.FR.00.LA44	..GAGC-.....G-.....A-.....AGTG-T-.....G-.....T-.....GAA-.....A-CC-AT-.....A-.....A-C-.....CAAG-A-.....G-.....C-.....CA-.....GA-.....A-.....C-.....T-.....9475		
B.FR.98.LA43	..-G-GC-.....G-GCA-.....A-.....A-.....TG-T-.....G-CA-T-.....GAA-.....G-A-C-AT-.....A-.....A-C-.....TAGG-A-.....G-.....C-.....CA-.....T-.....C-A-G-.....GG-.....A-.....T-.....9440		
B.GH.86.D205 ALT	..-G-GC-.....G-GCA-.....A-.....GT-.....G-C-.....A-.....GAA-.....G-A-CCAT-TGTAAG-CC-.....T-.....A-.....G-.....C-.....CA-.....C-A-.....G-.....C-.....G-.....T-.....9434		
B.JP.01.IMCJ KR020 1	..-G-GC-.....GGG-.....A-.....A-.....GT-.....AG-TA-.....A-.....G-.....A-C-AT-.....A-.....A-C-.....TAGG-A-.....C-.....CA-.....T-.....GG-.....C-.....9539		
F.US.08.NMK08	GA-AGC-.....T-T-GGCA-C-AA-C-AT-.....TGTTG-.....TAATGATGAC-.....A-.....A-.....C-.....A-.....T-.....T-G-CC-T-.....GG-T-.....C-.....T-.....A-.....T-.....G-T-.....8950		
G.CI.92.Abt96	..-GY-G-.....AT-.....G-.....AGTG-T-.....A-.....A-.....C-.....C-.....G-.....GTAC-.....C-.....G-.....GT-.....A-.....A-.....G-T-.....8906		
AB.CM.03.03CM_510_03	..-G-GC-.....GCA-.....A-GT-.....G-C-.....A-.....G-.....A-CC-AT-.....A-.....A-C-.....GTAGG-A-.....G-.....C-.....CA-.....ACA-.....C-.....T-.....8522		
H2 01 AB.CI.90.7312A	..-G-GC-.....G-C-.....A-G-AGAT-.....G-CA-.....A-.....G-.....A-AT-.....C-.....CC-G-.....G-AT-G-.....C-.....CA-.....T-.....T-.....9437		
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	..-G-GC-.....G-C-.....A-A-AGAT-.....G-C-.....A-.....G-.....A-C-AT-.....C-.....C-.....TAAG-T-.....G-.....G-.....CA-.....A-.....T-.....T-.....9419		
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	..-G-GC-.....G-C-.....A-A-AGAT-.....G-C-.....A-.....G-.....A-C-AT-.....C-.....C-.....TAAG-A-.....G-.....G-.....CAC-T-G-.....A-.....T-.....9409		
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	..-G-GC-.....G-C-.....A-A-AGATA-.....AG-CA-.....A-.....G-.....A-C-AT-.....C-.....C-.....TAAG-.....A-.....GA-.....CA-.....T-.....T-.....9436		
U.CI.07.071C TNP3	..-T-C-.....G-.....C-.....AGTG-T-.....G-.....A-.....AAA-.....A-.....A-.....GG-.....AT-G-.....C-.....C-.....G-C-.....G-.....A-.....T-.....8993		
U.FR.96.12034	..-T-AGC-.....C-.....G-.....AG-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....A-.....G-AG-A-.....G-.....C-.....G-.....T-.....A-.....T-.....T-.....9002		
MAC.US.x.251.1A11G-.....G-.....T-.....C-.....T-.....CG-.....G-.....T-.....9474		
MAC.US.x.251.32H PJ5G-.....G-.....C-.....T-.....CG-.....G-.....T-.....9476		
MAC.US.x.251.BK28G-.....G-.....C-.....T-.....CG-.....G-.....T-.....9460		
MAC.US.x.MM142.IVMXXA-.....G-.....G-.....C-.....T-.....GA-G-C-G-.....G-.....C-.....T-.....9473		
MNE.US.82.MNE.8A-.....AG-.....A-.....G-.....C-.....CG-.....T-.....T-.....A-.....C-.....G-.....T-.....8952		
MNE.US.x.MNE027A-.....AG-.....A-.....G-.....C-.....CG-.....T-.....T-.....A-.....C-.....G-.....T-.....8955		
SMM.CI.79.SIVsmC12	..-TG-G-G-.....TGC-.....A-A-.....G-AG-T-.....A-G-.....C-A-.....A-.....G-T-.....A-.....A-.....A-.....G-.....GGA-.....C-.....A-.....8621		
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	..-T-.....GGG-G-.....G-.....G-.....G-.....C-AA-.....A-.....GG-.....C-.....T-AAT-G-A-C-.....T-.....G-.....TC-.....A-.....C-.....8534		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	..-T-.....G-.....G-.....G-.....G-.....C-.....T-.....A-.....G-.....A-.....T-.....GA-A-AT-.....GG-.....C-.....T-.....8549		
SMM.SL.92.SL92B	..-T-.....GC-G-.....GTG-.....G-.....G-.....G-.....C-.....CT-.....A-.....GTT-.....C-.....T-.....A-.....A-.....T-.....G-.....TCA-.....A-.....T-.....8929		
SMM.US.04.G078	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....TG-.....G-.....A-.....T-.....C-.....A-.....TAC-.....C-.....T-CC-.....T-.....GG-.....C-.....TCA-.....TG-.....8771		
SMM.US.04.G932	..-T-.....GC-.....C-.....GG-.....G-.....G-.....AA-.....A-.....A-.....T-.....G-AC-.....T-.....G-.....C-.....CA-.....8748		
SMM.US.04.M923	..-T-.....C-.....TGC-.....G-.....G-.....TG-T-.....A-.....AA-.....TTGTC-.....A-.....G-.....T-.....G-.....C-.....CA-.....8760		
SMM.US.04.M940	..-T-.....C-.....TGC-.....G-.....CAGTG-T-.....G-AA-T-.....GAA-.....A-.....A-.....C-.....CAT-.....GG-.....A-.....T-.....G-.....C-.....T-.....A-.....8804		
SMM.US.04.M947	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....TG-T-.....A-.....G-.....GCA-.....TT-TC-.....C-.....CAT-.....G-CC-.....T-.....GG-T-.....CA-.....A-.....G-.....8757		
SMM.US.04.M950	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-T-.....A-.....C-.....A-.....G-.....A-.....CAC-.....A-.....TT-.....G-.....G-.....TCA-.....G-.....8760		
SMM.US.05.D215	..-T-AGC-.....GC-A-.....G-.....G-.....A-.....C-.....AA-.....A-.....GG-T-.....A-.....C-.....G-.....C-.....T-.....G-.....CA-.....8744		
SMM.US.06.F10	..-T-.....GC-.....C-.....A-.....G-.....TG-TA-.....T-.....AA-.....A-.....C-.....A-.....CACT-.....C-.....T-.....TGC-.....C-.....A-.....G-.....A-.....8763		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-.....A-.....A-.....T-.....C-.....CAC-.....G-.....C-.....T-.....GG-.....C-.....CA-.....9487		
SMM.US.86.FU212	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-.....A-.....A-.....T-.....G-.....A-.....CAT-.....G-.....AT-.....G-.....TCA-.....A-.....8745		
SMM.US.x.F236_H4	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....TG-.....G-.....AA-.....T-.....C-.....CAC-.....G-.....C-.....T-.....GG-.....C-.....CA-.....9443		
SMM.US.x.H9	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....A-TG-.....T-.....A-.....TTGTC-.....C-.....G-.....C-.....G-.....TC-.....CA-.....9861		
SMM.US.x.PBJ 6P6	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....AGTGCT-.....T-.....A-.....TTGTC-.....C-.....G-.....C-.....G-.....TC-.....CA-.....9456		
SMM.US.x.PGMS3	..-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....TG-T-.....G-.....C-A-.....A-.....A-.....CAC-.....G-.....G-.....AT-.....G-.....C-.....CA-.....G-.....9415		
SMM.x.SNES43	..-T-.....A-.....C-.....C-.....G-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....CAC-.....G-.....T-.....GG-.....C-.....CA-.....9500		
STM.US.89.STM_37_16	..-T-.....C-G-.....C-.....G-.....G-.....A-T-.....C-A-.....A-.....G-.....A-.....CAT-.....G-.....C-.....A-.....T-.....GGA-.....C-.....G-.....C-.....A-.....AGC-.....9129		

```

MAC.US.x.239
Nef
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36comM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK_147
A.JP.09.NMC786_c1one_41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
A.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205_ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.MM142_IVMXX
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM_37_16
    
```

```

AGTGCAAGAAGACATAGAATCTTAGACATATACTTAGAAGAAAGAAAGGCATCATACAGATTGGCAGGATTACACTCAGGCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGAGGCACAGGAGGAT.... 9643
S  A  R  R  H  R  I  L  D  I  Y  L  E  K  E  E  G  I  P  D  W  Q  D  Y  T  S  G  P  G  I  R  Y  P  K  T  F  G  W  L  W  K  L  V  P  V  N  V  S  D  E  A  Q  E  D
--AGGGAT--C-T-G-C--GG-A--G-A--G--G--A--T-TCAT-G-G-G-G--T-TGC-C-G--G--G--C-A-A--CA-G--C-A--...GCA--A--          9637
--AGG-G--C--T-G-C--A-G--A-G--G-A--A--T-TCAT-G-G-A-G--T-TAC-C-G--G--G--GC-AT-A--G-AC-C--C-A--...GCA--A--          9638
--AG--A--TG--A-G--G-A--T--A-C-T-TCAT-G--G-A-G--TTT--G--G--G--C-A-A--G-C-CC-C-A--GT--...GGA--C--A--          9639
--AG--A--TG--G-A--G-A--T--AA-C-T-CAG-G--G-A--G--T-AT-G--G-A--G--T-TTC--A--G--G--C-A--G-A--CC--C-A--...GAG--ACAG--          9640
--AT--G--C--T--A-G--G-A--T--A--T-TCAT-G--A--G--T-TTC--R--R--G--G--G--G-A--G-CC-CC--A--G--G--T--...          9641
--AG--TC--T--G--G--A--T--A--T-TCAT-G--A--G--T-TTC--G--G--G--GC-G-A--G-CC-CC--A--G--G--T--...          9642
--A--T--C--G--A--T--C--A--C-T-TCAT--G-A-G-T--TTT--G--G--G--GC-A-A--G--TC--C-A--G--GC--C--...          9643
--AG--A--TG--G--A--T--A--T-TCAT--G--A--G--T-TTC--G--G--G--GC-G-A--G--TC--C-A--G--GC--C--...          9644
--AG--TC--T--G--G--A--T--A--T-TCAT--G--A--G--T-TTC--G--G--G--GC-G-A--G--TC--C-A--G--GC--C--...          9645
--AGGGAT--C-T-G-C--G--A--T--A--T-TCAT--G--A--G--T-TGT--C-G--G--GC-A-A--G--C--C-A--G--C--...          9646
--AGGGAG--C-T-G-T-C--G--A--T--A--T-TCAT--G--A--G--T-TAC--C-G--G--C-A--G--CA-C--C-A--...GCA--A--          9647
--AG--C--G--A--T--A--C-T-TCAT--G--A--G--T-TTC--G--G--G--GC-A-A--C--CC--C-A--A--GG--C--...          9648
--AG--C--T--C-T--C--G--A--TG--A--C-T-TCAT--G--A--G--T-TTC--G--G--G--GC-A-A--G--CA--CGAC--G--...          9649
--CAG--C-G--T--C--A--G--A--TG--A--C-T-TAGT--G--G--A--T-TTC--G--G--G--GC-A-A--G--ACC--C-A--G--G--CAC--GAGAC--          9650
--A--C--T--G--A--T--A--T-TCAT--G--CA--G--C--TGC--G--G--G--GC-A-A--G--C--C--C-A--T--AGA--CACT--G--...          9651
--AG--GAGA--A--TT--G--A--T--C--A--C-T-AGT--G--A--T--T-TTCCA--G--G--G--GC-A--A--CC--C-A--...GGA--A--C--          9652
--A--C--T--TCAT--G--A--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--G--CA--C--A--...G--C--          9653
--AGGAG--G--A--C--C--G--A--G--A--T--TCAT--G--G--A--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--G--CA--C--A--...G--C--          9654
--A--G--A--T--TCAT--G--G--A--G--T--TC--G--G--G--GC-A--A--G--CC--C-A--ACAGG--C--AC--          9655
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-G-A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9656
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9657
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9658
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9659
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9660
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9661
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9662
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9663
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9664
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9665
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9666
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9667
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9668
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9669
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9670
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9671
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9672
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9673
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9674
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9675
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9676
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9677
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9678
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9679
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9680
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9681
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9682
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9683
--AG--A--T--TCAT--G--G--G--TTC--C--G--G--G--GC-A--A--G--C--C--AC-A--GGG--C--CAC--          9684
--AT--G--G--G--C--A--T--G--A--TGGG--C--A--C-T-TCAT--G--A--G--T-TTC--G--T--GC--A--A--G--CC--C-A--...GGA--T--C--          9685
--AG--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-A--AT--G--A--G--T--G--C--G--G--GC-G-A--G--A--C--G--...G-AAG--GA--          9686
--AG--G--A--AC--T--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9687
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9688
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9689
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9690
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9691
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9692
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9693
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9694
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9695
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9696
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9697
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9698
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9699
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9700
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9701
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9702
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9703
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9704
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9705
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9706
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9707
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9708
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9709
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9710
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9711
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9712
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9713
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9714
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9715
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9716
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9717
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9718
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9719
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9720
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9721
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9722
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9723
--AG--G--A--AC--C--TC--G--T--G--TG--T-T-GA--AA-C-T-ACAT--G--G--A--G--T--G--G--G--GC-A--G--A--C--G--...A--AGA--          9724
    
```

TCF-1 alpha binding

MAC.US.x.239GAGGAGCATTATTAATGCATCCAGCTCAAATCTCCAGTGGGATGACCTTGGGGAGAGTTCTAGCATGGAAGTTTGTATCAACTCTGGCCACACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAAGAG.TTTTGGGAAGCAAGTCAGGCCTGTGAGGAAAGAG	9805
Nef	E E H Y L M H P A Q T S Q W D D P W G E V L A W K F D P T L A Y T Y E A Y V R Y P E E # F G S K S G L S E E E	
A.CI.88.UC2	...GAT-ACCA-C-GC-C-A-A-AAG-AGA-AT-ATACAT-G-ACA-TG-CG-A-CT-C-TG-TGAG-CA-C-TCAC-CT-A-...GCA-AT-C-A-...-A-9802	
A.DE.x.BEN	...GAT-CCA-C-GC-G-A-C-A-A-AAG-AGACAT-TGACAT-G-ACAT-TG-C-CT-C-TG-TAC-CA-C-TCAC-CTG-...GCA-AT-C-A-...-A-9848	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	...ACT-C-GC-C-A-C-A-A-AAG-GG-CT-CAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-CA-C-T-AA-C-...-A-GTAT-...-A-9795	
A.FR.00.LA38	...CACC-C-GC-GT-A-C-A-A-AAA-A-AT-ACAT-ACAT-TG-GT-CT-C-GG-T-TGAG-CAC-C-T-AA-A-...-A-GCAT-...-A-9826	
A.FR.01.LA42	...ACT-C-GC-C-A-C-A-A-AAAGGAG-TT-AGCAT-G-AACAT-TG-C-G-C-C-TG-TGA-CACA-C-TCAAAGT-T-...-CA-...-A-9855	
A.FR.02.LA36gomM	...ACT-C-GC-C-A-C-A-G-AAG-TG-CAA-ATACAT-ACA-A-G-T-C-G-C-C-GG-T-T-GCC-C-T-T-AC-C-C-C-G-...-GTA-C-...-A-9844	
A.FR.03.LA37	...TACCA-C-GC-C-A-C-A-A-AAG-AG-AT-ACAT-G-AACAT-TG-C-G-A-C-T-GG-T-T-GC-C-T-T-AC-C-C-C-G-...-GTA-C-...-A-9826	
A.FR.96.LA40	...CACC-C-GC-GT-A-C-A-A-AAA-A-AT-ACAT-G-ACA-GAT-GT-CT-GG-T-TGAG-CAC-C-T-AA-A-...-A-GCAT-...-A-9707	
A.FR.98.LA39	...GAT-ACCA-C-C-CA-C-A-A-AAG-AGACAT-GAGCAT-G-ACA-CIT-CG-C-C-G-TGA-CA-T-TCA-CTGC-T-...-GCA-AT-C-A-...-A-9836	
A.FR.98.LA41	...GTA-ACCA-C-GC-G-A-C-A-A-AAG-AGA-AT-GAGCAT-G-ACA-TT-CG-C-C-TG-T-G-CA-C-TCA-CTGC-...-A-GCA-AT-C-A-...-A-9262	
A.GH.x.GH1	...ACT-ACT-TC-GT-CT-A-GTAAG-AGA-TT-GCAT-G-ACA-TG-C-C-TG-TC-TGAG-CAC-A-C-T-T-ACCTGC-...-A-GCAT-...-A-9247	
A.GM.87.D194	...GAT-G-ACT-C-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-G-AACA-GAT-C-C-G-TC-TGA-CA-T-T-AC-CTG-...-A-GCAT-...-A-9287	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	...ACT-ACT-TC-GT-CT-A-GTAAG-AGA-TT-GCAT-G-ACA-TG-C-C-TG-TC-TGAG-CAC-A-C-T-T-ACCTGC-...-A-GCAT-...-A-9247	
A.GM.x.MCN13	...GAT-G-ACT-C-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-G-AACA-GAT-C-C-G-TC-TGA-CA-T-T-AC-CTG-...-A-GCAT-...-A-9287	
A.GW.86.FG clone NIHZ	...ACT-ACT-TC-GT-CT-A-GTAAG-AGA-TT-GCAT-G-ACA-TG-C-C-TG-TC-TGAG-CAC-A-C-T-T-ACCTGC-...-A-GCAT-...-A-9247	
A.GW.87.CAM2CG	...GAT-G-ACT-C-G-C-A-C-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-G-AACA-GAT-C-C-G-TC-TGA-CA-T-T-AC-CTG-...-A-GCAT-...-A-9287	
A.GW.x.MDS	...ACT-ACT-TC-GT-CT-A-GTAAG-AGA-TT-GCAT-G-ACA-TG-C-C-TG-TC-TGAG-CAC-A-C-T-T-ACCTGC-...-A-GCAT-...-A-9247	
A.IN.07.NNVA	...ACT-AACT-C-GC-C-A-A-AAGTA-TT-AGACAT-G-ACA-T-GA-CT-CCTG-GAG-ACA-C-T-AAAGT-C-...-A-GCA-...-A-9313	
A.IN.95.CRIK 147	...ACT-AACT-C-GC-C-A-A-AAGTA-TT-AGACAT-G-ACA-T-GA-CT-CCTG-GAG-ACA-C-T-AAAGT-C-...-A-GCA-...-A-9313	
A.JP.08.NMC786 clone 41	...ACCA-C-GCC-CA-C-A-A-AAG-AGA-AT-TGACAT-G-AACA-GATG-CT-C-TG-A-T-AC-CATA-CTCAAC-CT-T-...-A-GA-...-A-9340	
A.NL.01.RH2.13	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.01.RH2.14	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.01.RH2.3	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.01.RH2.7	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.01.RH2.7.1	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.01.RH2.7.2	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.02.RH2.5	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.03.RH2.21	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.NL.03.RH2.24	...ACT-C-GC-GG-A-C-A-G-AAG-A-TT-GCAT-G-AAG-ATG-G-C-C-TG-A-TCT-GA-C-A-C-T-CAAC-CT-T-...-A-GTA-C-...-A-9848	
A.PT.x.ALI	...ACT-ACT-C-GCC-GC-A-C-TA-AAG-AG-CAT-A-GCAT-G-ACAT-TT-GA-C-T-AG-TC-TGA-CA-A-C-T-A-CT-C-...-A-GTA-...-A-9847	
A.SN.85.ROD	...ACT-ACT-C-GC-G-A-C-A-AAG-A-TT-GCAT-G-ACA-TG-C-G-CTTG-T-T-G-C-T-T-A-C-G-...-A-GCA-...-A-9285	
A.SN.86.ST.JSP4_27	...AGT-ACT-C-GC-G-A-A-AAG-AG-TT-GCAT-G-AACA-TT-G-G-C-C-G-A-T-TT-GC-C-T-T-A-C-...-A-GTA-...-A-9287	
B.CI.88.UC1	...GCG-AAACAG-G-C-GG-C-A-G-TG-TC-TTCA-ATCCAC-G-ACC-T-C-CG-C-CCTC-AC-TGAC-TA-C-TCAAC-G-...-GTATC-AT-AC-A-G-9760	
B.CI.x.20.56	...GCA-AA-CAG-G-C-GG-C-A-G-C-TTCA-ATCCAC-G-ACC-T-T-C-C-CCTC-AC-TGAC-ATA-C-TCAAC-AG-T-...-GTATC-AA-C-A-9725	
B.CI.x.EH0	...GAG-AAACG-GCC-G-C-A-C-GCA-CCAC-A-ACC-T-C-C-CT-CTC-A-TGAC-TA-C-TCAAC-AG-T-G-...-GTATC-AA-C-A-9735	
B.FR.00.LA44	...GAG-AA-CAG-GCC-G-C-A-C-TTCA-CCAC-G-AAAC-T-C-C-CT-CTAC-A-TGAC-TA-C-TCAAC-AG-T-T-G-...-GTATC-AA-C-A-9735	
B.FR.98.LA43	...GAG-AAACG-GCC-G-C-A-G-C-TTCA-CCAC-G-AAAC-T-T-C-C-CT-CTC-A-TGAC-TA-C-TCAAC-AG-T-T-G-...-GTATC-AA-C-A-9735	
B.HG.86.D205 ALT	...GAG-AAACG-GCC-G-C-A-G-C-TTCA-CCAC-G-AAAC-T-T-C-C-CT-CTC-A-TGAC-TA-C-TCAAC-AG-T-T-G-...-GTATC-AA-C-A-9735	
B.JP.01.IMCJ KR020 1	...GCA-AAACAG-G-C-G-C-A-GG-C-TCA-ATCCAC-G-ACC-TATC-C-CT-CCTC-A-TGAC-ATA-C-TCAAC-G-...-GTATC-AA-C-A-9766	
F.US.08.NMK08	...A-G-C-GG-C-A-G-AAGT-C-A-G-AAC-T-G-GA-A-T-TG-AT-T-C-T-CA-C-T-TT-G-G-...-GTATC-AA-C-A-9766	
G.CI.92.Abt96	...ACT-GC-GG-A-A-AAG-CA-GGA-ACC-A-GT-G-T-G-T-AT-A-TGAC-CAG-T-A-ATTGC-T-T-G-...-CA-GT-G-G-AC-A-C-TA-9271	
AB.CM.03.03CM 510 03	...GAG-AAAC-C-GCC-C-A-G-C-TCA-TACAT-G-AC-T-TC-CCTC-GC-TGA-T-C-TCAA-G-T-...-GTA-C-A-G-C-A-8852	
H2 01 AB.CI.90.7312A	...GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-CG-TCA-T-CCAT-G-AC-T-TC-C-T-CCTC-A-TT-AG-C-TCAAC-G-T-...-GTATC-AA-C-A-9767	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	...GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-C-TGCA-CCAT-G-AC-T-TC-C-C-CTTC-A-TT-A-C-TCAAC-AG-T-...-GTATC-AA-C-A-9749	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	...GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-C-TGCA-CCAT-G-AC-T-TC-C-C-CTTC-A-TT-A-C-TCAAC-AG-T-...-GTATC-AA-C-A-9739	
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	...GAG-ACC-G-C-G-C-A-G-C-TGCA-CCAT-G-AC-T-TC-C-C-CTTC-A-TT-A-C-TCAAC-AG-T-...-GTATC-AA-C-A-9766	
U.CI.07.071C TMP3	...ACT-GCC-GG-A-G-CAGT-GA-G-GA-A-AT-CTG-G-G-TGAC-A-A-G-TCA-ACTG-T-...-T-T-...-A-C-A-9320	
U.FR.96.12034	...AG-TG-C-GG-GG-T-A-G-CAGT-GCGA-G-AC-...-ACT-T-CT-...-A-T-GC-...-T-A-AG-G-...-G-T-...-T-...-A-9329	
MAC.US.x.251.1A11	...AG-...G-A-...A-...C-...C-...A-...A-...C-...A-9801	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	...AG-...G-A-...A-...G-...A-...C-...A-...A-...C-...A-9803	
MAC.US.x.251.BK28	...AG-...G-A-...A-...G-...A-...C-...A-...A-...C-...A-9786	
MAC.US.x.MM142.IVMXX	...AG-...G-A-...A-...G-...A-...C-...A-...A-...C-...A-9297	
MNE.US.82.MNE.8	...A-...C-...T-...A-...A-...A-...A-...A-...A-9279	
MNE.US.x.MNE027	...A-...C-...T-...A-...A-...A-...A-...A-...A-9282	
SMM.CI.79.SIVsmC12	...AGA-C-GCC-G-C-T-A-G-TC-T-TA-A-G-CT-G-C-CAAT-T-T-AC-TCA-A-T-TTC-G-T-8948	
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	...ACA-C-GC-GG-C-T-A-G-CA-AT-T-A-ACC-T-C-GC-A-TTGT-A-T-C-T-T-T-G-T-A-T-8861	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	...ACC-GC-GG-A-C-G-A-AT-CATTCA-A-C-C-C-A-TCAC-A-T-A-A-T-A-GC-GT-G-T-A-9256	
SMM.SL.92.SL92B	...ACA-C-GC-GG-C-A-G-CCAT-C-G-AAG-C-AT-T-A-A-T-A-A-T-TGC-T-9098	
SMM.US.04.G078	...ACA-C-GC-GG-T-A-G-AAG-A-A-AAG-C-AT-T-A-A-T-A-A-A-T-T-T-9062	
SMM.US.04.G932	...CA-GC-G-A-A-T-AAG-A-A-AAG-AT-G-A-GA-T-T-AC-A-T-A-GAG-T-T-T-T-9087	
SMM.US.04.M923	...A-CC-C-G-C-G-A-A-GT-G-A-A-A-G-T-AACC-G-A-T-ACC-G-A-T-C-T-GC-A-TCA-G-G-T-T-T-9131	
SMM.US.04.M947	...ACA-C-GC-GG-C-A-G-C-A-G-A-G-T-C-A-A-G-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-9084	
SMM.US.04.M950	...ACA-GC-G-GGT-C-A-G-A-G-T-CGC-T-G-T-A-A-C-T-T-9087	
SMM.US.05.D215	...TTA-C-GC-GG-A-G-A-A-A-A-A-A-A-G-A-G-T-AC-T-A-A-A-T-T-9071	
SMM.US.06.F10	...ACA-C-GC-GG-A-G-GGG-A-G-A-CT-G-C-GA-T-T-C-A-T-A-AG-T-GGA-T-T-9090	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	...ACA-GCC-G-G-A-G-A-T-A-C-A-C-GAAT-A-T-GC-A-T-A-AG-T-T-T-T-9314	
SMM.US.86.FU212	...ACC-C-GC-GG-G-A-G-A-T-A-C-A-C-GAAT-A-T-T-C-C-T-A-A-TAT-T-9072	
SMM.US.x.F236.H4	...ACA-GCC-GG-G-A-G-AT-T-C-A-G-A-G-T-T-GC-A-T-A-AG-T-T-T-9770	
SMM.US.x.H9	...ACA-GC-G-G-A-T-T-C-A-G-A-G-RAGT-A-T-TRAC-A-T-GAGC-T-TC-T-A-9288	
SMM.US.x.PBJ.6P6	...ACA-C-G-A-T-T-C-A-G-A-G-AGT-A-T-AC-A-T-GAGC-T-TC-T-A-9783	
SMM.US.x.PGMS3	...ACA-GCC-GG-G-A-G-TA-T-T-C-A-A-GA-T-T-A-C-T-T-T-9742	
SMA.x.SNES43	...GAT-G-ACA-C-GG-A-G-ACAT-A-A-G-TT-A-CTAT-A-C-T-C-T-TTCT-T-C-A-9459	

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Nef), reference sequence (GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGCCCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGAACTCGCTGA...), alignment positions (1-9943), and alignment characters (e.g., ---AAGAAATAGCTGAG---T---G---C---A---CAA---9941).

MAC.US.x.239
Nef
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.09.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
HB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MMI42.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SI92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM_37_16

Nef end

NF-k-B-II

NF-k-B-I

	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start	3' LTR repeat start	
MAC.US.x.239	TACTGGGAGGAGCGGTCGGGAACGCC.	ACTTTCTTGATGTATAAATATC.	ACTGCATTTTCGCTCTGTA.	TTCACTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGTAGACTCTCA.	CC10073
A.CI.88.UC2	G-AT-----T-G	T-A-A--AC	G-ACC-GCT-CC-A	-T-C	C-----C-----
A.DE.x.BEN	G-AT-----T-G	T-A-A--AC	G-ACC-GCT-C-T-AT		G-----
A.DE.x.PET2 KR KRCC	G-GT-----A-G	T-A-A--C	G-ACC-GCT-GC-T-AT		C-----
A.FR.00.LA38	G-AT-----T-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-C-AT	C	A-----
A.FR.01.LA42	G-AT-----TT-G	T-A-A-C-TC	G-ACC-GCT-GC-T-CT		C-----
A.FR.02.LA36GomM	G-AT-----TT-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-C-T-AT	T	
A.FR.93.LA37	G-AT-----T-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.FR.96.LA40	G-AT-----A-T-GA	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-A		
A.FR.98.LA39	G-AT-----A	C-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-A	A	
A.FR.98.LA41	G-AT-----T-G	T-A-A--AC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.GH.x.GH1	G-TAT-----T-G	T-A-A--AC	G-ACC-GCT-C-TA-AT		
A.GM.87.D194	G-AT-----T-G	T-A-AT-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	G-AT-----T-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC--AT		G-----
A.GM.x.MCN13	G-AT-----T-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.GW.86.FG c1one NIHZ	G-AT-----T-G	TT-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.GW.87.CAN2CG	G-TAT-----T-G	T-A-A-C-TC	TACC-GCT-GC-T-AT		
A.GW.x.MDS	G-AT-----T-G	T-A-A-C-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.IN.07.NNVA	G-AT-----G	T-A-ATC-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	
A.IN.95.CR1K 147	G-AT-----T-G	T-A-ATC-TC	G-ACC-GCT--T-AT	C	Ag.....CT..T
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A-AT-----T-G	T-A-A--AC	G-ACC-GCT-C-T-AT		C-----
A.NL.01.RH2_13					
A.NL.01.RH2_14					
A.NL.01.RH2_3					
A.NL.01.RH2_7					
A.NL.02.RH2_5					
A.NL.03.RH2_21					
A.NL.03.RH2_24					
A.PT.x.ALI					
A.SN.85.ROD	G-AT-----T-G	T-A-A--C-C	G-ACC-GCT-GC-T-AT		
A.SN.86.ST_35P4_27	G-AT-----T-G	T-A-A--TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C-G	
B.CI.88.UC1	G-AT-----TT-T	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		C-----
B.CI.x.20 56	A-AT-----T-GA	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-GT-AT	AC	
B.CI.x.EH0	G-AT-----A-GA	TCAAGACTC	G-ACC-GCT-GT-AT	AC	
B.FR.00.LA44	G-AT-----T-G	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-GT-AT	AC	
B.FR.98.LA43	GG-AT-----TT-T	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT--A-		C-----
B.GH.86.D205 ALT	AG-AA-----G-TT-T	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-AT		
B.JP.01.IMCJ KR020_1	A-AT-----T-G	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-CTA-AT	AC	
F.US.08.Nwk08	AGACT--C-G-GGTA-G-A-CGC	T-A.TA-TC	T-ACC-GCT-GCT	A	AC-----
G.CI.92.Abt96	ACTAT--GA-T-T	AAAA-CTC	AGCTGCA		C-----
AB.CM.03.03CM 510 03	G-AT--A--G-TT-T	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT	AC	
H2 01 AB.CI.90.7312A	G-AT-----TT-G	T-AAGCTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	G-AT-----TT-G	T-AAT-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	G-AT-----TT-G	T-AAT-CTC	G-ACC-GCT-C-AT		G-----
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	G-GT-----TT-G	T-AAT-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		G-----
U.CI.07.07TC TNP3	-AT-T--T-GA	T-AAA-CTC	CAAC-GCT-C-T-AT		
U.FR.96.12034	G-GCAA-GA-GAG-CA-G	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
MAC.US.x.251 1A11		A	ACTGCA-T-A-G		
MAC.US.x.251 32H PJ5		A	ACTGCA		
MAC.US.x.251 BK28	-GGG-A--CC-GTC--A-	A	ACTGCA		
MAC.US.x.MM142 IVMXX		A			
MNE.US.82.MNE 8		A			
MNE.US.x.MNE027		A			
SMM.CI.79.SIVsmCI2	AT-AA--G-T-G	-TA-AA-CTC	AAGC--T-G-A-G-A-T-C		
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-T--T-G	T-T-CT-TC	AACC-GCT-ACT		A-T-G
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-AT--G-T-G	-TAAA-CTC	-A-C-A-T-GCACTGAT		
SMM.SL.92.SL92B	AGTCT--C-G-GG-AA	CTAACTC-TA	ACC-GCTT-GC		
SMM.US.04.G078					
SMM.US.04.G932					
SMM.US.04.M923					
SMM.US.04.M940					
SMM.US.04.M947					
SMM.US.04.M950					
SMM.US.05.D215					
SMM.US.06.FTq					
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10		AT-CTC	A		
SMM.US.86.CFU212		AT-CTC	CA		
SMM.US.x.F236_H4		AT-CTC	CA		
SMM.US.x.H9	-T--T-CT	-AT-CTC	CA		A-A
SMM.US.x.PBJ 6P6	-T-CT	-G-AT-CTC	CA		
SMM.US.x.PGM53	-T-CT	-AT-TC	CA		
SMM.US.x.SME543	-T-CT	-AT-CTC	CA		G-----
STM.US.89.STM_37_16	AG-A-CTG-TG	TT-A--TC	CA-C-T-A-A	A	

	TAR element end	Poly-A signal 3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	AGCACTTGGCCGGTGTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCCTA	.AAGCCCTCTTCAATAAA	GCTGCCATTTAGAAAGTAAGCT	AGTGTGTGTTCCCATCTCTCCTAGCCGCCGCTGGTCAACTCGGTA
A.CI.88.UC2	-TG-C-----CA-----C-G-----A-----A-----C-T-A-----T-----T-----GT--TCTGAG--C-----			10270
A.DE.x.BEN	-T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--TCTGAG--C-----			10317
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--TCTGAG--C-----			10172
A.FR.00.LA38	-TG-CA-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-A-----C-T-A-----T-----T-----GT--CCTGAG--C-----			10221
A.FR.01.LA42	-TG-CA-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-A-----C-T-A-----T-----T-----GT--CCTGAG--C-----			10264
A.FR.02.LA36gomM	-TG-CA-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-A-----C-T-A-----C-----T-----GT--CCTGAG--C-----			10322
A.FR.93.LA37	-TG-CA-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-AT-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAA--C-----			10312
A.FR.96.LA40	-TG-C-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-AG-----C-T-A-G-----T-----T-----GT--TCT-AG--C-----			10292
A.FR.98.LA39	-G-C-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-A-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTCGAA--C-----			10166
A.FR.98.LA41	-TG-CA-----C-G-----A-A-----C-----GCTGC-AG-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTCGAA--C-----			10209
A.GH.x.GH				9480
A.GM.87.D194				9472
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-TG-C-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAA--C-----			9636
A.GM.x.MCN13	G-TG-CA-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAA--C-----			9713
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-TG-C-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAA--C-----			9431
A.GW.87.CAM2CG	-TG-CA-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAA--C-----			10330
A.GW.x.MDS				9525
A.IN.07.NNVA	-TG-C-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--CTGAG--C-----			10294
A.IN.95.CR1K 147	-TG-CA-----C-G-----A-A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT--TCTGAA--C-----			9808
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-T-----A-----C-G-----A-A-----A-----C-T-A-----T-----T-----GT--TCTGAG--C-----			10296
A.NL.01.RH2_13				9932
A.NL.01.RH2_14				9954
A.NL.01.RH2_3				9911
A.NL.01.RH2_7				9917
A.NL.02.RH2_5				9903
A.NL.03.RH2_21				9882
A.NL.03.RH2_24				9887
A.PT.x.ALI	-TG-CA-----C-G-----C-G-C-----AA-----C-T-----G-----C-G-T-A-AG-----T-----T-----GT--CCTGAG--C-----			10311
A.SN.85.ROD	-TG-CA-----CG-CTC-ACGCT-GCT-GCT-A-----A-----C-T-----G-----C-----T-----T-----GT--CCTGAG--C-----			9671
A.SN.86.ST_JSP4_27	-TG-CA-----CG-CTC-ACGCT-GCT-GCT-A-----A-----C-T-----G-----C-----T-----T-----GT--CCTGAG--C-----			9672
B.CI.88.UC1				10229
B.CI.x.20 56	A-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			10193
B.CI.x.EH0	A-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			10200
B.FR.00.LA44	A-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			10270
B.FR.98.LA43	C--A-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			10235
B.GH.86.D205 ALT	A--A--T-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			10227
B.JP.01.IMCJ KR020_1	A--A--T-----C-G-----A-----A-----A-----C-T-G-----T-----T-----AA-G--T-CT-AAA-TA-----			9334
F.US.08.Nwk08				9480
G.CI.92.Abt96		CA-C-A-----AA-----AA-----GT-----		9599
AB.CM.03.03CM 510 03				9089
H2 01 AB.CI.90.7312A		A-----A-----A-----C-TCA-----T-----T-----GT--GCTGAA--A-G-----		10240
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20		A-----A-----A-----C-TCA-----T-----T-----GT--GCTTT--G-----		10217
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	A-----C-G-----A-----A-----A-----C-TCA-----T-----T-----GT--GCTTT--G-----			10208
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	A-----C-G-----A-----A-----A-----C-TCA-----T-----T-----GT--GCTTT--G-----			10235
U.CI.07.07TC_TNP3				9540
U.FR.96.12034	AA-G-----			9607
MAC.US.x.251 1A11				10232
MAC.US.x.251 32H PJ5				10235
MAC.US.x.251 BK28	A-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----GG-----			10207
MAC.US.x.MM142 IVMXX				9646
MNE.US.82.MNE 8				9628
MNE.US.x.MNE027	T-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----GG-----			9664
SMM.CI.79.SIVsmCI2				9147
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	G-G-----A-----A-----T-----GA-----C-A-----			9224
SMM.SL.92.SIVsmSL92A				9086
SMM.SL.92.SL92B	ACA--AT--T--C-G-----G-----A-----C-----G-----A-C-----C-TC-----			9613
SMM.US.04.G078				9157
SMM.US.04.G932				9121
SMM.US.04.M923				9146
SMM.US.04.M940				9202
SMM.US.04.M947				9143
SMM.US.04.M950				9146
SMM.US.05.D215				9128
SMM.US.06.FTq				9149
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----G-C-CA-----			10245
SMM.US.86.CFU212				9130
SMM.US.x.F236_H4	G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----G-C-CA-----			10199
SMM.US.x.H9	RG-----A-----G-----G-----A-----C-----T-----T-----G-AC-----C-----			9638
SMM.US.x.PBJ 6P6	G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----G-AC-----C-----			10236
SMM.US.x.PGM53	G-----A-----GC-----G-ATCA-----T-----T-----G-C-CATA-----			10174
SMM.US.x.SME543	G-----A-----GC-----G-ATCA-----T-----T-----G-C-CATA-----			10273
STM.US.89.STM_37_16	A-----T-----G-----T-TAT-----A-----A-----G-----T-----			9882

IV

PLV Complete Genomes

Contents

IV-1	Introduction	221
IV-2	Sequences	222
IV-3	Alignments	225

IV-1 Introduction

Complete genomes of HIV-1, HIV-2, and SIV sequences are represented in the alignment.

For HIV-1, we include a single sequence from the pure subtypes and groups N, O, and P. For HIV-2, we include a single representative from groups A, B, and G, plus all available subtype U genomes. For the SIVs, we include representatives of all species for which full genome sequences are available. The principle in deciding which sequences to include in this alignment was to provide a representative sampling of all primate lentiviruses which have had complete or nearly complete genomes sequenced. Many HIV-1, HIV-2, SIVsmm and SIVmac genomes were not included, but they can be found in the HIV-1/SIVcpz and HIV-2/SIVsmm alignments.

The alignment was based on the previous version published last year, produced by a hidden Markov model using HMMER and manual editing using the programs BioEdit and AliView. It is codon-aligned, meaning that the correct translation reading frame has been maintained as much as possible; in the case of overlapping frames, obviously only one will translate correctly. We have tried to “reset” the alignment so that each new gene starts in the first frame; this means some empty columns have been inserted. The HIV-2/SIVsmm *vpx* gene is postulated to be a duplication of the *vpr* gene and thus there may be two alternative alignments of this region of the genome, as there are for the duplicated stem-loops of the TAR element.

The annotation is based on known protein coding regions in HIV-1 and on annotations found in SIV sequence database entries. The protein cleavage sites that create Gag p17, Gag p24 and other mature peptides from the Gag and Gag-Pol precursor polyproteins have been experimentally determined for HIV-1 and at least one strain of HIV-2, but the study of analogous cleavages in SIV polyproteins have not been published. Two representative genomes have been translated: HIV-1 subtype B strain HXB2, and SIV Mac239. The translations are provided as a visual aid for finding landmarks in the genomes.

IV-2 Sequences

Primate lentivirus (PLV) Sequences in the complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
H1A1.UG.85.U455_U455A	M62320	Uganda	Oram, J.D.	<i>ARHR</i> 6 (9):1073-1078 (1990)
H1C.ET.86.ETH2220	U46016	Ethiopia	Salminen, M.O.	<i>ARHR</i> 12 (14):1329-1339 (1996)
H1F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
H1O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M.	<i>J Virol</i> 68 (3):1586-1596 (1994)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, L.G.	<i>J Virol</i> 68 (3):1581-1585 (1994)
H1O.CM.98.98CMA105	AY169816	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMABB197	AY169811	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.SN.99.99SE_MP1299	AJ302646	Senegal	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
H1O.US.99.99USTWLA	AY169814	United States	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1N.CM.02.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
H1N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
H1N.CM.04.04CM_1131_03	DQ017383	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F.	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032-1037 (1998)
H1P.CM.06.U14788	HQ179987	Cameroon	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3): 1403-7 (2011)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	D.R.C.	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.CD.90.ANT	U42720	D.R.C.	Vanden Haesevelde, M.M.	<i>Virology</i> 221 (2):346-350 (1996)
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	Cameroon	Nerrienet, E.	<i>J Virol</i> 79 (2):1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.LB715	KP861923	Cameroon	Barbian, H.J.	<i>MBio</i> 2015 Apr 21;6(2) pii: e00296-15 doi: 10.1128/mBio00296-15
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	EF535993	Cameroon	Van Heuverswyn, F.	<i>Virology</i> 368 (1):155-171 (2007)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	DQ373063	Cameroon	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	EF535994	Cameroon	Van Heuverswyn, F.	<i>Virology</i> 368 (1):155-171 (2007)
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	AF382828	Gabon	Bibollet-Ruche, F.	<i>ARHR</i> 20 (12):1377-1381 (2004)
CPZ.TZ.00.TAN1	AF447763	Tanzania	Santiago, M.L.	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	JQ768416	Tanzania	Takehisa, J.	Unpublished
CPZ.TZ.09.UG38	JN091690	Tanzania	Rudicell, R.S.	<i>J Virol</i> 85 (19): 9918-28 (2011)
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	United States	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	FJ424871	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	FJ424866	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	Cameroon	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.12.SIVgor_BPID1	KP004989	Cameroon	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2	KP004991	Cameroon	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15	KP004990	Cameroon	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
H2A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
H2A.PT.x.ALI	AF082339	Portugal	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)

Name	Accession	Country	Author	Reference
H2B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
H2B.GH.86.D205_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
H2G.CI.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
H2U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
ASC.UG.10.RT03	KJ461716	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT08	KJ461715	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT11	KJ461714	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 75 (2):857-866 (2001)
COL.UG.10.BWC01	KF214240	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
COL.UG.10.BWC07	KF214241	Uganda	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	FJ919724	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Infect Genet Evol</i> 10 (3); 386-96 (2010)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Cameroon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Cameroon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DRL.DE.11.D3	KM378563	Germany	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3); 353-7 (2015)
DRL.DE.11.D4	KM378564	Germany	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3); 353-7 (2015)
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	M66437	Ethiopia	Fomsgaard, A.	<i>Virology</i> 182 (1):397-402 (1991)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
LST.CD.88.SIVlhoest485	AF188115	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest524	AF188116	D.R.C.	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 73 (2):1036-1045 (1999)
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	LC114462	Zambia	Carr, M.	<i>Arch Virol</i> 162 (2); 543-548 (2017)
MND-1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gabon	Tsujimoto, H.	<i>Nature</i> 341 (6242):539-541 (1989)
MND-2.CM.98.CM16	AF367411	Cameroon	Takehisa, J.	<i>ARHR</i> 17 (12):1143-1154 (2001)
MND-2.GA.x.M14	AF328295	Gabon	Souquiere, S.	<i>J Virol</i> 75 (15):7086-7096 (2001)
MND-2.x.x.5440	AY159322		Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MON.CM.99.L1_99CML1	AY340701	Cameroon	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS-1.CM.01.CM1239	EF070330	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM1246	EF070329	Cameroon	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-3.GA.09.09GabOI81	KF304707	Gabon	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
OLC.CI.97.97CI12	FM165200	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	HM803690	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	HM803689	Cameroon	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	AF382829	Gabon	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SAB.SN.x.SAB1	U04005	Senegal	Jin, M.J.	<i>EMBO J</i> 13 (12):2935-2947 (1994)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Country	Author	Reference
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	JQ864086	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gabon	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 73 (9):7734-7744 (1999)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Kenya	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	L06042	Kenya	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 67 (3):1517-1528 (1993)
TAL.CM.00.266	AY655744	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Cameroon	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	U58991	Uganda	Soares, M.A.	<i>Virology</i> 228 (2):394-399 (1997)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Kenya	Johnson, P.R.	<i>J Virol</i> 64 (3):1086-1092 (1990)
VER.ZA.10.VSAC4004	KR862336	S. Africa	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
VER.ZA.10.VSAG1003	KR862363	S. Africa	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
VER.ZA.10.VSAM0022	KR862356	S. Africa	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
WRC.CI.98.98CI04	AM713177	Cote D'Ivoire	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	AM937062	Gambia	Locatelli, S.	<i>Virology</i> 376 (1):90-100 (2008)

		TCF-1 alpha
H1B.FR.83.HXB2	CCAGAGAAGTTAGAAGAAGCCAACAAGGAGAGAACCACGCTTGTACACCTGTGAGCTGCATGGAATG.....GATGACCCGGAGAGAAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTGATCATTTATCATGCGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAA	322
H1A1.UG.85.U455.U455A	0
H1C.ET.86.ETH2220	0
H1F1.BE.93.VI850	GA---GCAGA-AG-CT-GAG-T-C-T-T---GGG-T-ATC-CC-G-T-A-CAT-T.....CCATGGATT-A-TA-AC-T-A---A-AC-GAT---A---T-ATCT---GCAACACC-TG-T-TATGATAACT-C-A---CT---C	325
H1D.BE.87.ANT70	GA---GCAGAGAG-CTG-GT-T-C-AAT-AG-TG-T-TC-TC---T-A-CTT-T.....AATCATGGAGCT-G-TG-AC-CG-G-GA-AC-A-A---CA---T-ATCAT---GC-AAACA-T-A---TGC-AAA---C-A---CT---CC	325
H10.CM.91.MVP5180	0
H10.CM.98.98CMA105	0
H10.CM.98.98CMA197	0
H10.SN.99.99SE.MP1299	G-T---GCAGAG---CT-GA---GT-T---GGG-T---C-CC-G-T-A-CTT---AACCATGGCTTT-A---AACC-CG-GC-A-AC-GA-A---CA---T-ATCA---GCAGCACC-TG-T-TATG-TAACCA-C-A---CT---T	325
H10.US.99.99STWLA	0
H1N.CM.02.DJ08131	0
H1N.CM.04.04CM.1015_04	0
H1N.CM.04.04CM.1131_03	0
H1N.CM.95.YBF30	0
H1P.CM.06.U14788	0
CPZ.CD.06.BF1167	GA---AT-A-GG-ATCTAC-CA-G---CTT-TCCT---GA---TA-TG---C---G-TA-A---TCTGAA-G-TAGAAGA---A-A---AGA	313
CPZ.CD.90.ANT	0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	0
CPZ.CM.05.LB715	0
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	GAG---AGT-GA-AG---CCAATG-AGG-AGA-C---TGTGTCTC-CAT-CAATGTGCCAG.....CATGGCATG---A-TGAA-TC---G-CC-GC-A---C-C---T-A---C-CC-GAGA---A-A---AA	322
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	0
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	0
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	0
CPZ.TZ.00.TAN1	0
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	0
CPZ.TZ.09.UG38	0
CPZ.US.85.US.Marilyn	GA---G-AG---GGGG---T---C-A-TAC-C-G---CA-T---A---A-TGAAC-TG-C---C-ATC-CA---CTGAA-G-TCGGAGA---GA-TAA---A---CG	322
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	0
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	0
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	0
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1	0
GOR.CM.12.SIVgor.BQID2	0
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15	0
		TCF-1 alpha
MAC.US.x.239	GAT-----AC-GG-G-AT---G-GCATTAT-AA-G-T-A-CTCAAACITCCCAAGT-----TTG-G---G-TC---CA---A---TCCAAC-T-G-C-ACAC-T-TGA---ATAT-TTAGAT-C-A-A-AG-G---TGG	316
H2A.DE.x.BEN	-A-----AG-GG---AT---GC-A-T---AG---A-CACAAACAAGCA-CAT-----TGA-C-TG-G-GACA---T---CA---TC-ATG-G-C-A-A-CT---A---TTCACT---T-C-A-A-AG-G---TGG	316
H2A.PT.x.ALI	-A---A-----GGG-GG-CACT---CTCA-T-C-C---A-ACAAACAAGCA-GCAT-----GGG-C-TG-G-GACA---T---A---CCTAAG-G-TCA-G-T-AA---TTTATT-A-C-A-A-G-A-TGG	316
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	G---A-----C-AG-GG-C-AG-A-C-CATT-TC-G-G-T-A-CACAGACTCC-C-TG-----CC-CGA-GACCC-T-TC-CA---TG-T---A-G-CT-TG---TTTCAGAG-TTC-A-A-G-G---TGG	316
H2B.CI.x.EH0	G---C-CC-----CGAG-GG-G-AG-A-C-CATT-C-AA-G---G-CACAGA-CTCCTC-TG-----ATCC-TG-G-GACTC-TATC-CA---TTC-T-G---A-G-T-TG---TTTCA-TAG-TT---A-A-G-G---GG	319
H2B.GH.86.D295.ALT	0
H2G.CI.92.Abt96	0
H2U.CI.07.071C.TNP3	0
H2U.FR.96.12034	0
ASC.UG.10.RT63	0
ASC.UG.10.RT68	0
ASC.UG.10.RT11	0
COL.CM.x.CGU1	0
COL.UG.10.BWC01	0
COL.UG.10.BWC07	0
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	0
DEB.CM.99.CM40	0
DEB.CM.99.CM5	0
DRL.DE.11.D3	0
DRL.DE.11.D4	0
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	GAG-----ACG---CT-T---GACA-T-TC-A-G-T-A-CACAGA-GGG-A-GATCCTGAT-GAATAGATC-TG---C-G-TC---A---CCGAAGT-G-G.....T-GA-T-C-GCCC.....G	298
GSN.CM.99.CN166	0
GSN.CM.99.CN71	0
LST.CD.88.SIVlhoest485	0
LST.CD.88.SIVlhoest524	0
LST.KE.x.lho7	0
MAL.ZM.09.SIVaomMAL_ZMB	0
MND-1.GA.x.MND6B1	GA---A-----TGTG-TGAGT-TA---ATCC-TC-AT---CACAAAT-C-T-G-TT-AAGCCAG-GGG-TCC-----A---CTG-G---GAG-C-TATC-CAC-CA-TCCAATGT-G.....T-GACTT-ATA-CCCT-AAA	301
MND-2.CM.98.CM16	0
MND-2.GA.x.M14	0
MND-2.x.x.5440	0
MNE.US.x.MNE027	0
MON.CM.99.L1.99CML1	0
MUS-1.CM.01.CM1239	0
MUS-2.CM.01.CM1246	0
MUS-3.GA.09.09GAB0181	0
OLC.CI.97.97C12	-T---A---CTTG---AT---GGGATGC---G-T-A-TCAGACC-C-CA-CA.....CC---GGA-TTAG-G---C-GG-T---GTC-CA-TCCA-ATAG---A-TAC-C-TTA---AAGG	229
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312	0
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	0
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	0
SAB.SN.x.SAB1	GAG---T---G-TA-T---CA-T-C-C-G-T---CTCAAG-GCCTATGA-----G-CTG-A---GACCC-G-T---A---CCA-TA---T-GACT-GTT-CT-GGAGGCT	298
SMM.CI.79.SIVsmCI2	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.06.FtQ	0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	GAT-A-----TC-GG---AC---CACATT-C-A-G-G-T-G-CACAGACT---CAGTG-----CTG-G---G-AC-G-CA---A---TCCAGAAT---T-A-AGCT-T-A---ATTATTAA-T-C-A-AG-G---TGG	316
SMM.US.86.CFU212	0
SMM.US.x.H9	0
SUN.GA.98.L14	GA---C-----AGGG-TCCTAATC-TCCTTGTCAAGCCC---TG-A-TCC---A-A---GG-TAAT---A---TTG-G---GAGAC-TATC-CA---TCC-ACT-G-C.....T-TGATTT-AG-CCATACAG	301
SYK.KE.x.KE51	0
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	GG-TGC.....TTGG-GT-T-AG---T-ACT-C-CC-C-T-A-CCTCT.....GGGAC-GG-GAGTTC-AC-T.....G-G---GAACC-CAT---AC-CA-CC-A---G-C.....T-TACA-CAGGCTG-G-GA-GGC	192
TAL.CM.00.266	0
TAL.CM.01.8023	0
TAN.UG.x.SIVtanTAN1	-AG-A-----C-G---AT---GACA-T-T-C-C---CCCAGA-TG-AT-GGAAAGCGACCC-TGGAAA---C-TTG---GGA-A-TT-ATCCACT-CTAGCAG-TCAG.....T-CAAC-CGGACAGC-TTAAG	299
VER.KE.x.AGM155	GAG-A-----AG-A-C-T-T-A-GGCATT---G---A-CACAA-----A-GACCCGTGAT-G-ATAATC-TG---A-A-G-CA---A---TCCAATGT-G-T.....TT-A-T-CGACCCC-CAAGG	304
VER.ZA.10.VSAC4004	0
VER.ZA.10.VSAG1003	0
VER.ZA.10.VSAM0022	0
WRC.CI.98.98C104	GA---TCTAAT-CAGCT-TC-GT-CTAC---G-A-AGC---T-A-GCT---AAG-A---TCA.....G-T-TTG-G---CAC-G-TC---A---CCT-A---C.....TGTGACTTTGTG-CAAGTAGA-TCCCTGGACAT-T	319
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	0

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box	TAR element start
H1B.FR.83.HXB2	GCTT	GCTG	CTGG	GGAG	GGAG	GCCT	453
H1A1.UG.85.U455.U455A	AGGG	AGGG	AGGG	AGGG	AGGG	CAGAT	0
H1C.ET.86.ETH2220	AGGG	AGGG	AGGG	AGGG	AGGG	TTTT	0
H1F1.BE.93.V1850	AGATT	AGATT	AGATT	AGATT	AGATT	AG	488
H1D.BE.93.ANT70	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	460
H10.CM.91.MVP5180	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H10.CM.98.98CMA105	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H10.CM.98.98CMA197	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H10.CM.98.98CMA8105	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H10.SN.99.99SE.MP1299	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	487
H10.US.99.99STWLA	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H1N.CM.02.DJ08131	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H1N.CM.04.04CM.1015_04	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H1N.CM.04.04CM.1131_03	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
H1N.CM.95.YBF30	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	14
H1P.CM.06.U14788	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CD.06.BF1167	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CD.90.ANT	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.LB715	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	453
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.TZ.00.TAN1	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.TZ.09.UG38	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
CPZ.US.85.US.Marilyn	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	480
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
GOR.CM.07.SIVgorZ139_287	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
GOR.CM.12.SIVgorBPID1	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
GOR.CM.12.SIVgorBQID2	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
GOR.CM.13.SIVgorBPID15	CTG	CTG	CTG	CTG	CTG	CT	0
MAC.US.x.239	ACAGC	CAA	GGA	GTT	C	ACTT	517
H2A.DE.x.BEN	AGCTGA	GGCTGC	GAA	GGC	GTA	C	554
H2A.PT.x.ALI	AGCTGA	GACTGC	GAA	GGC	GTA	C	550
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	CTAGCTGA	TACTGC	GAA	GGC	GTA	C	0
H2B.CI.x.EH0	CTAGCAGA	LACTGC	AAA	AGGC	GTA	C	557
H2B.GH.86.D205.ALT							360
H2G.CI.92.Abt96							27
H2U.CI.07.071C.TNP3							50
H2U.FR.96.12034							0
ASC.UG.10.RT03							0
ASC.UG.10.RT08							0
ASC.UG.10.RT11							0
COL.CM.x.CGU1							0
COL.UG.10.BWC01							0
COL.UG.10.BWC07							0
TAN.CM.04.SIVdeb04CMPF3061		TCCTATGCAAGGT	A	T	GTTGCTA	A	130
DEB.CM.99.CM40							0
DEB.CM.99.CM5							0
DRL.DE.11.D3							0
DRL.DE.11.D4							0
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	ACTTTGCGGTT	CCAGGGACTTTCCACA	GT	TGGA	G	AGGC	469
GSM.CM.99.CN166							0
GSM.CM.99.CN71							0
LST.CD.88.SIVlhoest485							0
LST.CD.88.SIVlhoest524							0
LST.KE.x.lh07	TGGCTTGCTG	GAGC	A	AGCGGGACTTTCCAGG	GC	T	514
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	AACTGCTGAC	A	AGCGGGACTTTCCAGG	GC	T	A	304
MND-1.GA.x.MND6B1							39
MND-2.CM.98.CM16							107
MND-2.GA.x.M14							31
MND-2.x.x.5440							0
MNE.US.x.MNE027							0
MON.CM.99.L1.99CML1							0
MUS-1.CM.01.CM1239							0
MUS-2.CM.01.CM1246							0
MUS-3.GA.09.09GAB0181							0
OLC.CI.97.07C12	TCCTT	TTG	GGTTTTGGCC				373
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312							0
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081							0
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1							0
SAB.SN.x.SAB1	AAC	GAC	TGAG	A	GGG	GGAGA	478
SMM.CI.79.SIVsmCI2							0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A							0
SMM.SL.92.SL92B							0
SMM.US.06.FTq							0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8							0
SMM.US.86.CFU212							517
SMM.US.x.H9	GC	GC	TAGAGT				485
SUN.GA.98.L14							0
SYK.KE.x.KE51							0
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM							359
TAL.CM.00.266							0
TAL.CM.01.8023							0
TAN.UG.x.SIVag1TAN1	AAG	GATCAGCA	AGGG	TGGTGGGAG		CG	489
VER.KE.x.AGM155	AAC	GAC	AGCAGGGACTTTCCAA			CG	507
VER.ZA.10.VSAC4004							0
VER.ZA.10.VSAG1003							0
VER.ZA.10.VSAG1002							0
WRC.CI.98.98C104	AACCATGCTA	TGGACT	C	GG	TGGAGACTTTGGGAGGAGACTTG		542
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02							0

Table with columns: Accession ID, Poly-A signal, 5' LTR R repeat end, 5' LTR U5 start, Extensive secondary structure, and sequence. Includes entries like H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455.U455A, etc.

Table with columns: Accession ID, Poly-A signal, 5' LTR R repeat end, 5' LTR U5 start, Extensive secondary structure, and sequence. Includes entries like MAC.US.x.239, H2A.DE.x.BEN, H2A.PT.x.ALI, etc.

Extensive secondary structure

Lys tRNA primer binding site

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B, H1A1, H1C, etc.), sequence alignments, and a column of numbers (e.g., 657, 126, 36, etc.).

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC, H2A, H2A, etc.), sequence alignments, and a column of numbers (e.g., 843, 880, 875, etc.).

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H1O.BE.87.ABT70
H1O.CM.91.MVP5180
H1O.CM.98.98CMA185
H1O.CM.98.98CMA8197
H1O.CM.99.99S5.MP1299
H1O.US.99.99USTWLA
H1N.CM.02.DJ08131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.04
H1N.CM.05.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.99.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzL87
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.09.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID5
MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4.27
H2B.CI.x.EHO1
H2B.GH.86.D295.ALT
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.07IC.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GEV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVzqmMAL_ZMB
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-3.GA.09.09GAb0I81
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.09.SIVrcm.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.SL.92.SIVsLSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GS.x.14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVtanTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pdt.05GM_X02

.....AAGCGAAAGGGAA 670
.....TT 137
.....T-G 49
.....TAG- 20
.....T 699
.....T-G 672
.....T 130
.....A 78
.....T 699
.....T 120
.....TAAAGCTTGCCTTGAGAGCT.AAAGTGGTGTGGCCCAT.CCATTCCGT.AACTCTGGTACTAGAGATCCCTCAGA.CCACTGGACTGAGTA.AAAATCTTAGCAGTGGCCGCCGAACAGGGACTTG.A.TAG-140
.....TAAAGCTTGCCTTGAGTCT.AAAGTGGTGTGGCCCAT.CCATTCCGT.AACTCTGGTACTAGAGATCCCTCAGA.CCACTGGACTGAGTA.AAAATCTTAGCAGTGGCCGCCGAACAGGGACTTG.A.TAG-140
.....TAAAGCTTGCCTTGAGTCT.AAAGTGGTGTGGCCCAT.CCATTCCGT.AACTCTGGTACTAGAGATCCCTCAGA.CCACTGGACTGAGTA.AAAATCTTAGCAGTGGCCGCCGAACAGGGACTTG.A.TAG-140
.....TAAAGCTTGCCTTGAGTCT.AAAGTGGTGTGGCCCAT.CCATTCCGT.AACTCTGGTACTAGAGATCCCTCAGA.CCACTGGACTGAGTA.AAAATCTTAGCAGTGGCCGCCGAACAGGGACTTG.A.TAG-228
.....TAAAGCTTGCCTTGAGTCT.AAAGTGGTGTGGCCCAT.CCATTCCGT.AACTCTGGTACTAGAGATCCCTCAGA.CCACTGGACTGAGTA.AAAATCTTAGCAGTGGCCGCCGAACAGGGACTTG.A.TAG-134
.....T 668
.....GGGACTTG-G-A-CT-CA- 21
.....TA-G 211
.....T 679
.....T-G 212
.....TA- 210
.....TA- 214
.....TA-G 217
.....T-T 214
.....CA- 17
.....G-AC-GC 215
.....AG-G-C-TT 204
.....G-CT-G-AC-G 220
.....T-AC- 693
.....T 131
.....CA-G 212
.....T 211
.....T 10
.....T 114
.....T 10
.....AGGAGAGTGAGAGA...CTCCT.GAGTACG...TG-GT-A-G 880
.....AGAGGACTGAGAA.G.CCTG.GAACTCG...TG-GT-A-G 917
.....AGAAGACTGAGAA.G.CTAG.GAACACG...TG-GT-A-G 912
.....AGAAGACTGAGAA.G.CCTG.GAACACG...TG-GT-A-G 363
.....GGAAGAGTGAGAG.T.CTTG.GGACACG...TG-GT-A-G 913
.....GAGAGTGAGAG.T.CTTG.GGACACG...TG-GT-A-G 914
.....GAAGGAGTGAGAG...CCTT.GAACACG...AG-GT-A-G 285
.....AGGAGAGTGAGAG...CTCCT.GAACACG...TG-GT-A-G 389
.....AGAGTGAGAGT...CTTCTGAAACTCG...TG-GT-AGG 408
.....0 0
.....0 0
.....AAGAGGTCCTGAGGGTCGCGGAAG.AAGAAGGAGGACTGATC.GCCTCTCA...GAAGAGAGGTAAGTCAAAAAGGGGACTTACG.GGTGGA.GTCA.AGGAGGACTTACGGTCTGCGCAAAAGTGAAGTAAA-GTCCGCGCTCGT 430
.....CTAGGACGGACCTAGGAGT.CGCGGGGCCCAAGAGAG.AGAGAAAAA.GAGAAGAAAGGACCTGATCAACTCTGAGGTAAGTGGG.TCTAG.GAGAGACTTACGGTCTGCGCCCTGAAGAGAGTCCCT-A...T- 183
.....GCATC.CCAGTGTTCAGCCGGAAGACGGTAGGAGAGAGG-TCT-TGGA-CC 420
.....GCTAC.CCAGAGCTC.GGCCCG...CAGCGGGTGGCCG...TCTGAAACC 309
.....AGCATC.CCAGTGTTCAGCCG...AAGCGGAGTGTTGG...TCTGAAACC 313
.....GC.TAAGAAGCCCGACGCGAGACCCG.CCGTAAAGT 37
.....GC.TAAGAAGCCCGACGCGAGACCC-C.TCGTAAAGT 37
.....AACAGCCAG.GACTTCAA.GCCCGAAGCCGGACCAAGGATTGCCCTGGCGAGTG-TCCG-CC 735
.....AGCATCCAGTGACTTCAA.GCTCGAGCCGGACCAAGGATTGCCCTGGCGAGTG-TCC-G-CTCC 295
.....0 0
.....AGGAGA.AGAGGCGCTGGCAAGAACCTCTGGAGGGGAAAAGCGCCGAG...AAGAGGCCAGGAAGCTAGGACAGAGAAAGTCTGCTCGGG-CAGG 906
.....GTAGCGGCAGCACAGCTAGG-CCG 773
.....CAAGGGTTC.GAGTCTTCCAACCTGTAAGGGACGAAGGGCGGACGAGCCGAC.CGACCACCCGGCGAAGTGAAGTAAACAAAGGAGCCCG-CGCG...ACT 295
.....CAAGGGTTCGAG.TCGCTCCGA.CCTGTAAGGGACAAAGGGCGGACCGCTGGGACAGACCCACCCG.ACGAAGAGAGTAACTCAAGGAGCCCGACGCGCAGGACTCA-A.GTGAAGC 575
.....CAAGGGTTCAGG.TCGCACCA.CCTGTAAGGGACGAGCGGCGGACG.GTGGACAGACCCACCCG.GCG.AAAGAGTAAITGAAGAGCCCGACGCGCAGGACTCAA-GTAAAGC 136
.....TTAGCCCGGAGGGGGT.AGGCGGTGTGACAGAGAGAAGG...CCCC...AGCCG.AGTGCGT-CC- 361
.....CTACATATCAA.CCCGTTCCG...AGGTTCCGCGGCGGACGTAACAGGCGGTGGAGCAGTCCCAAGG.GCTCCATCCCAAGG...CGAGACGCTGAGGATGCCT-CC-GT-.G 288
.....359 0
.....584 0
.....0 0
.....GAGTGGCTGAGAGACTC---GGCTA-G 50
.....CTAAAGACGTCCCGGCCGACAGAGTAGACAGCTGAGG-CTCCTTT-ACT 840
.....0 0
.....A.GACG...GACT.CG...TG-GT-A-G 343
.....AGGAGAGTGAGAGA...CTCCAAGGATACG...TG-GT-A-G 142
.....AGGAGAGTGAGAG...CTCC.TGAGTACG...TG-GT-A-G 879
.....TCTCGTACTCGCTAACAGAAGACCTGGTCTGTTAGGACCTTTCTGCTTTGGGCAACCAGGCGAGGAAAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCGAAACAGGGACTTGAAGGAGAGTGAGAGA...CTCC.TGAGTACG...TG-GT-A-G 143
.....AGGAGAGTGAGAGA...CTCC.TGAGTACG...TG-GT-A-G 362
.....GTAAAGAGGAGAGGTTTCGACTGTGGAGGCGCCGAG-AGTT- 902
.....CTG-CT-G 274
.....CT-G-CC-G 633
.....GTG-CT-GA-AGG 505
.....GTGAG-AA-CTTCACT 745
.....GAGTGAAGGCACGTACAGCTGAG---ACGT 775
.....G...AATTGAGTAGCAGCAGCTAGCTGAG---CGT 273
.....TGAATAGCGGCATCCTAGCTGAG---CGT 265
.....TGAGTAGCGACATCCTAGCTGAG---CGT 266
.....GGGG.CGACTAGAGTGAAGAAGACCGCGCCGGCAGGGATTCT-CT---G-A-GT 879

	Packaging loops end	Gag and Gag-Pol start	
H1B. FR. 83. HXB2 TAGAAGGAGAGAG ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTA TTAAGCGGGGGAGAAATAGATCGATGGGAAAAATTCGGTTAAGCCAGGGGAAAGAAAAATATAAATTAACACATAGTAGTGGGCAAGCAGGGGACTAGA
Gag		M G A R A S V L S G G E L D R W E K I R L R P G G K K K Y K L K H I V V W A S R E L E	
H1A1.UG.85.U455.U455A A A G-C-G
H1C.ET.86.ETH2220 A-C-A-A C-C-TGC-G
H1F.1.93.V1850 A C-C-A
H10.BE.87.ANT70 T-T-G G-C
H10.CM.91.MVP5180 T-T-G G-C
H10.CM.98.98CMA105 T-T-G G-C
H10.CM.98.98CMA197 T-T-G G-C
H10.SM.99.99S.MF1299 T-T-G G-C
H10.US.99.99USTWLA T-T-G G-C
H1N.CM.02.DJ00131 G C-C
H1N.CM.04.04CM.1015.04 G C-G-A-G
H1N.CM.04.04CM.1131.03 G C-A-G
H1N.CM.05.YMC30 G C-A-G
H1P.CM.06.U14788 G C-G-A-G
CPZ.CD.06.BF1167 T-T-G C-TTA-G
CPZ.CD.90.ANT A-G-G G-C-TGA
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 A G-TGA
CPZ.CM.05.LB715 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897 A G-TGA
CPZ.CM.05.SIVcpzGAB2 A G-TGA
CPZ.TZ.08.TAN1 A G-TGA
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13 A G-TGA
CPZ.TZ.09.UG38 A G-TGA
CPZ.US.85.US.Marilyn A G-TGA
GOR.CM.04.SIVgorCP684con A G-TGA
GOR.CM.07.SIVgorCP2139.287 A G-TGA
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con A G-TGA
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1 A G-TGA
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2 A G-TGA
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15 A G-TGA

	Gag and Gag-Pol start	
MAC.US.x.239	C.TTTTATCCAGGAAGG.GGTAA-AG-TAGAGTG-GAG	C-T-TAAC-C-C-LTCA-AAGA-GC-GA-TA
Gag		M G V R N S V L S G G E L D R W E K I R L R P N G K K K Y M L K H I V V W A A N E L D
H2A.DE.x.BEN C-AAC
H2A.PT.x.AL1 C-AAC
H2A.SN.86.S1.JSP4.27 C-AAC
H2B.CI.x.EHO C-GC
H2B.GH.86.D205.ALT C-GC
H2C.CI.92.Abt96 C-AGC
H2U.CI.07.071C.TNP3 C-AAC
H2V.FR.96.12034 C-AAC
ASC.UG.10.R183 G-GCAC
ASC.UG.10.R188 G-GCAC
ASC.UG.10.R111 G-GCAC
COL.CM.x.CG1 CAACGAGCA-GG-C
COL.UM.18.BM01 CAACGAGCA-GG-C
COL.UG.x.BM07 CAACGAGCA-GG-C
DEB.CM.04.SIVdeb04MPF3061 G-GCGA
DEB.CM.99.CM40 G-GCGG
DEB.CM.99.CM5 G-GCGA
DRL.DE.11.D3 A-A-C
DRL.DE.11.D4 A-A-C
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1 G-TGAC
GSN.CM.99.CN166 A-GCAC
GSN.CM.99.CN71 A-GCAC
LST.CD.88.SIVlhoest485 AT-GAAC
LST.CD.88.SIVlhoest524 AT-GAAC
LST.KE.x.lho7 AT-GAAC
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB G-TA-C
MMD.1.GA.x.MNDB1 AATG-GAAC
MMD.2.CM.98.CM16 C-GT
MMD.2.GA.x.M14 C-GT
MMD.2.x.x.5440 C-GT
MNE.US.x.MNE027 C-AAC
MON.CM.99.L1.99CML1 G-GCAC
MUS.1.CM.01.CM1239 A-GCAC
MUS.2.CM.01.CM1246 A-GCAC
MUS.3.GA.99.099ga00181 G-AGCAC
OLC.CI.97.97C112 ATCGA.GCGCTCCATAGGGTGGAG.CTC-G-T-AGAGG
RCM.CM.00.SIVagi.00CM312 A-T-G
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081 G-T-G
RCM.GA.x.SIVRCMAB1 G-T-G
RCM.UM.01.SAB1 G-T-G
SMM.CI.79.SIVsmC12 G-AGCGG
SMM.SL.92.SIVsmSL92A C-ACAGG
SMM.SL.92.SL92B C-ACAGG
SMM.US.06.F10 C-AGC
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8 C-AGC
SMM.US.86.FU212 C-AGC
SMM.US.x.H9 C-AAC
SUN.GA.98.L14 A-G-GAAC
SYK.KE.x.KE51 A-AG-GAAC
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM A-AGC-G
TAL.CM.00.2661 G-ACGCAC
TAL.CM.01.8023 G-ACGCAC
TAN.UG.x.SIVagmTAN1 A-G-CAC
VER.KE.x.AGM155 G-GCTA-C
VER.ZA.10.VSAC4084 A-G-TT-C
VER.ZA.10.VSAG1903 A-G-TT-C
VER.ZA.10.VSAM0022 A-G-TT-C
WRC.CI.98.98CI04 T-AG-GAATAGT
WRC.CM.05.Pbt.05GM.X02 T-AG-GAATAGT

Draft of 25 June 2018, not for public release

HIV Sequence Compendium 2018

Table with columns for accession IDs, sequence alignments, and coordinates. Includes rows for H18_FR.83_HXB2 and Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start.

Table with columns for accession IDs, sequence alignments, and coordinates. Includes rows for MAC.US.x.239 and Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start.

Table with multiple columns containing sequence alignments and identifiers. The top row shows a long sequence of nucleotides. Below it, various sample identifiers (e.g., H1B, H1A1, H1C, H1F1, etc.) are listed on the left, followed by their corresponding sequence alignments. The right side of the table contains numerical values, likely representing alignment scores or positions. The table is organized into several sections, each starting with a different sample identifier.

CTACTAGTACCCTTCAGGACAAATAGGATGGATGACAAT.....AATCCACCTATCCAGTAGGAGAAAATTTATAAAGATGGATAATCTGGGATTAATAAAATAGTAAAGAATGTATAGCCCTACCCAGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAG 1659
 T T S T L Q E O I G W M T N N P P I P V G E I Y K R W I I L G L N K I V R M Y S P T S I L D I R O G P K
 H1A1.UG.85.U455 U455A GGC GTT G A 1114
 H1C.ET.86.ETH2220 TGGG GT T A A 1032
 H1L.BE.93.H980 C C G G A A 1423
 H10.BE.87.ANT70 C C C G A T A 1708
 H10.CM.91.MVP5180 T G G A C T A 1682
 H10.CM.98.98CMA105 T C C G A C T A 1139
 H10.CM.98.98CMA8197 T C C G A C T A 1087
 H10.SN.99.99S1299 T C C G A C T A 1709
 H10.US.99.99USTWLA T C C G A C T A 1127
 H1N.CM.02.DJ00131 T T C G A G T A 1144
 H1N.CM.04.04CM1015 04 T T T G T G T A 1137
 H1N.CM.04.04CM1131 03 T T T G T G T A 1136
 H1N.CM.95.YBF30 T T T G T G T A 1223
 H1P.CM.06.U14788 T T T G T G T A 1124
 CPZ.CD.06.BF1167 T T T G T G T A 1746
 CPZ.CD.90.ANT T T T G T G T A 1080
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 T T T G T G T A 1236
 CPZ.CM.05.LB715 T T T G T G T A 1671
 CPZ.CM.05.SIVcpzDP943 T T T G T G T A 1218
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 T T T G T G T A 1207
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 T T T G T G T A 1205
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 T T T G T G T A 1202
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB897 T T T G T G T A 1204
 CPZ.CM.08.SIVcpzGAB2 T T T G T G T A 1217
 CPZ.TZ.08.TAN1 T T T G T G T A 1300
 CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13 T T T G T G T A 1300
 CPZ.TZ.09.UG38 T T T G T G T A 1286
 CPZ.US.85.US.Marilyn T T T G T G T A 1707
 GOR.CM.04.SIVgorCP684com T T T G T G T A 1193
 GOR.CM.07.SIVgorCP2139 287 T T T G T G T A 1196
 GOR.CM.07.SIVgorCP2135com T T T G T G T A 1195
 GOR.CM.12.SIVgorBPID1 T T T G T G T A 1001
 GOR.CM.12.SIVgorB01D2 T T T G T G T A 1123
 GOR.CM.13.SIVgorBPID15 T T T G T G T A 1000
 T T T G T G T A 1925
 MAC.US.x.239 T T T G T G T A 1925
 Gag T T T G T G T A 1925
 H2A.DE.x.BEN T T T G T G T A 1978
 H2A.PT.x.AL1 T T T G T G T A 1971
 H2A.SN.86.ST.JSP4 27 T T T G T G T A 1472
 H2B.CI.x.EHO T T T G T G T A 1940
 H2B.GH.86.D205 ALT T T T G T G T A 1939
 H2G.CI.92.Abt96 T T T G T G T A 1341
 H2U.CI.07.074C TMP3 T T T G T G T A 1446
 H2U.FR.96.12034 T T T G T G T A 1172
 ASC.UG.10.RT83 T T T G T G T A 999
 ASC.UG.10.RT88 T T T G T G T A 1014
 ASC.UG.10.RT11 T T T G T G T A 999
 COL.CM.x.C01 T T T G T G T A 1449
 COL.UG.10.BWC01 T T T G T G T A 1224
 COL.UG.10.BWC07 T T T G T G T A 1467
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061 T T T G T G T A 1598
 DEB.CM.99.CM40 T T T G T G T A 1438
 DEB.CM.99.CM5 T T T G T G T A 1429
 DR1.DE.11.D3 T T T G T G T A 1026
 DR4.DE.11.D4 T T T G T G T A 1077
 GRV.ET.x.GRI 677 gri 1 T T T G T G T A 1775
 GSN.CM.99.CN166 T T T G T G T A 1339
 GSN.CM.99.CN71 T T T G T G T A 1345
 LST.CD.88.SIVlhoest485 T T T G T G T A 831
 LST.CD.88.SIVlhoest524 T T T G T G T A 828
 LST.KE.x.lho7 T T T G T G T A 1915
 MAL.ZM.09.SIVagMAL_ZMB T T T G T G T A 1822
 MMD 1.GA.x.MNDG81 T T T G T G T A 1289
 MMD 2.CM.98.CM16 T T T G T G T A 1615
 MMD 2.GA.x.H14 T T T G T G T A 1539
 MMD 2.x.x.5440 T T T G T G T A 1472
 MNE.US.x.MNE027 T T T G T G T A 1405
 MON.CM.99.L1 99CML1 T T T G T G T A 1326
 MUS 1.CM.01.CM1239 T T T G T G T A 1312
 MUS 2.CM.01.CM1246 T T T G T G T A 1393
 MUS 3.GA.99.09GagB0181 T T T G T G T A 891
 OLC.CI.97.97C112 T T T G T G T A 1521
 RCM.CM.00.SIVagi 00CM312 T T T G T G T A 876
 RCM.CM.02.SIVrcm 02CM8081 T T T G T G T A 876
 RCM.CM.x.SIVRCMGAB1 T T T G T G T A 1087
 SAB.NL.5ACN1 T T T G T G T A 1928
 SMM.CI.79.SIVsmC12 T T T G T G T A 1024
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A T T T G T G T A 1021
 SMM.SL.92.SL92B T T T G T G T A 1368
 SMM.US.06.F10 T T T G T G T A 1204
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL8 T T T G T G T A 1204
 SMM.US.86.SUF212 T T T G T G T A 1547
 SMM.US.x.H9 T T T G T G T A 1410
 SUN.GA.98.L14 T T T G T G T A 1902
 SVK.KE.x.KE51 T T T G T G T A 1370
 SVK.KE.x.SYK173 COMGNM T T T G T G T A 1742
 TAL.CM.09.266 T T T G T G T A 1844
 TAL.CM.01.8023 T T T G T G T A 1045
 TAN.UG.x.SIVagmTAN1 T T T G T G T A 1798
 VER.KE.x.AGM155 T T T G T G T A 1827
 VER.ZA.10.VSAC4084 T T T G T G T A 1322
 VER.ZA.10.VSAG1003 T T T G T G T A 1331
 VER.ZA.10.VSAM0022 T T T G T G T A 1322
 WRC.CI.98.98C104 T T T G T G T A 1881
 WRC.GM.05.Pbt 05GM X02 T T T G T G T A 825

GAACCTTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGCAAGCTTCACAGGAGGTAATAAAATTTGGATGACAGAAACCTGTTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTGTAAGACTATTTTAAAGCACTGGACCACCGCGCTACTAGAGAAATGAT 1829

E P F R D Y V D R F Y K T L R A E Q A S O E V K N W M T E T L L V Q N A N P D C K T I L K A L G P A A T L E E M M

H1A1.UG.85.U455 U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.93.3YF30
H10.HE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA197
H10.SN.99.99S.MF1299
H10.US.99.99U5TWLA
H1N.CM.02.DJ00131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CO.06.BF1167
CPZ.CO.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.98.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.08.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgorCP2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BPID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15

MAC.US.x.239
Gag
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.AL1
H2A.SN.86.SI.JSP4.27
H2B.CI.x.EHO
H2B.GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.R103
ASC.UG.10.R108
ASC.UG.10.R111
COL.CM.x.CGUI
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CPMF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DR1.DE.11.D3
DR4.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVLhoest485
LST.CD.88.SIVLhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.99.09Gag00181
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.00.SIVagi.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
SAB.CM.99.99C
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.98.CA.FU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.206
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4084
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

MAC.US.x.239
Gag
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.AL1
H2A.SN.86.SI.JSP4.27
H2B.CI.x.EHO
H2B.GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.R103
ASC.UG.10.R108
ASC.UG.10.R111
COL.CM.x.CGUI
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CPMF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DR1.DE.11.D3
DR4.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVLhoest485
LST.CD.88.SIVLhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.99.09Gag00181
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.00.SIVagi.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
SAB.CM.99.99C
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.98.CA.FU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.206
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4084
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

	Gag p24 Capsid end	Gag p2 start	Gag-Pol fusion TF protein start	Gag p2 end	Gag p7 nucleocapsid start	
H1B.FR.83.HXB2	GACAGCATGTCAGGAGTAGTAGGAGACCCGGCCAT	AAGGCAAGAGTITTTGGCTGAAGCAATGAGGCAAGTAAACAAATTCGCTACC.....ATAATGATGCAGAGAGGCAATTTTAGGAACCAAA	1950
Gag	T A C Q G V G G P G H K A R V L A E A M S Q V T N SG.....A.....I M M Q R G N F R N O R	
H1A1.UG.85.U455 U455AC.....G.....T.....A.....G.....	1399
H1C.ET.86.ETH2220G.....C.....A.....A.....G.....	1321
H1F.UG.93.VI85G.....T.....C.....A.....G.....	1377
H10.BE.87.ANT70GT.....AACT.....GC.....A.....G.....	2014
H10.CM.91.MVP5180GT.....AACT.....GC.....A.....G.....	1988
H10.CM.98.CMA185GT.....AACT.....GC.....A.....G.....	1445
H10.CM.98.CMA197GT.....AACT.....GC.....A.....G.....	1393
H10.UG.99.9055.MP1299GT.....AACT.....GC.....A.....G.....	242
H10.UG.99.9915U7LWLAGT.....AACT.....GC.....A.....G.....	1433
H1N.CM.02.DJ00131G.....C.....G.....G.....G.....	1435
H1N.CM.04.04CM.1015.04G.....C.....G.....G.....G.....	1428
H1N.CM.04.04CM.1131.03G.....C.....G.....G.....G.....	1427
H1N.CM.95.YBF30G.....C.....G.....G.....G.....	1517
H1P.CM.06.U14788G.....C.....G.....G.....G.....	1427
CPZ.CD.06.BF1167T.....C.....G.....G.....G.....	2043
CPZ.CD.90.ANTA.....T.....G.....G.....G.....	1380
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13C.....A.....G.....G.....G.....	1533
CPZ.CM.05.LB715C.....A.....G.....G.....G.....	1509
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943C.....A.....G.....G.....G.....	1498
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505C.....A.....G.....G.....G.....	1496
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7C.....A.....G.....G.....G.....	1484
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66C.....A.....G.....G.....G.....	1489
CPZ.CM.05.SIVcpzHB897C.....A.....G.....G.....G.....	1748
CPZ.CM.05.SIVcpzGAB2C.....A.....G.....G.....G.....	591
CPZ.TZ.08.TAN1C.....A.....G.....G.....G.....	1591
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13A.....T.....G.....G.....G.....	1580
CPZ.TZ.09.UG38T.....C.....G.....G.....G.....	1998
CPZ.US.85.US.MarilynAT.....T.....G.....G.....G.....	1411
GOR.CM.04.SIVgorCP684conAT.....T.....G.....G.....G.....	302
GOR.CM.07.SIVgorCP2139.287AT.....T.....G.....G.....G.....	1501
GOR.CM.07.SIVgorCP2135conAT.....T.....G.....G.....G.....	1304
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1AT.....T.....G.....G.....G.....	1429
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2AT.....T.....G.....G.....G.....	1303
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15AT.....T.....G.....G.....G.....	
	Gag p24 Capsid end		Gag p2 Spacer start	Gag p8 Nucleocapsid start		
MAC.US.x.239G.....T.....A.....C.....A.....	2213
Gag	T A C Q G V G G P G H K A R V L M A E A L K E A L A P V P I P F A A A Q O R G P	
H2A.DE.x.BENA.....C.....G.....G.....G.....	2257
H2A.PT.x.AL1A.....C.....G.....G.....G.....	2540
H2A.SN.86.ST.JSP4.27A.....C.....G.....G.....G.....	1702
H2B.CI.x.EHOA.....C.....G.....G.....G.....	2228
H2B.GH.86.D205.ALTA.....C.....G.....G.....G.....	2230
H2C.CI.92.Abt96A.....C.....G.....G.....G.....	1632
H2U.CI.07.071C.TNP3A.....C.....G.....G.....G.....	1737
H2V.FR.96.12034A.....C.....G.....G.....G.....	1488
ASC.UG.10.R103T.....C.....A.....C.....A.....	1308
ASC.UG.10.R108T.....C.....A.....C.....A.....	1323
ASC.UG.10.R101T.....C.....A.....C.....A.....	1308
COL.CM.x.CT11G.....C.....A.....C.....A.....	1713
COL.UG.10.BMC01G.....C.....A.....C.....A.....	1488
COL.UG.10.BMC07GT.....C.....A.....C.....A.....	725
DEB.CM.04.SIVdeb04MCPF3061CAT.....C.....A.....C.....A.....	A 8933
DEB.CM.99.CM40ACAT.....C.....A.....C.....A.....	1735
DEB.CM.99.CM5CAT.....C.....A.....C.....A.....	1726
DEB.DE.11.D3CT.....C.....A.....C.....A.....	1371
DRV.DE.11.D4CT.....C.....A.....C.....A.....	CGGGACCCAGGGGAC
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1A.....T.....G.....A.....G.....	CGGGACCCAGGGGAC
GSN.CM.99.CN166T.....C.....A.....C.....A.....	C 2055
GSN.CM.99.CN71T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1630
LST.CD.88.SIVLhoest485AG.....C.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
LST.CD.88.SIVLhoest524A.....T.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
LST.KE.x.lho7A.....T.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMBC.....A.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
MAL.ZM.1.GA.x.MNDGB1GA.....A.....T.....G.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MND.2.CM.98.CM16CT.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MND.2.GA.x.M14ACT.....A.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
MND.2.x.x.5440CTIG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MNE.US.x.MNE027G.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
MON.CM.99.L1.99CML1ACAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MUS.1.CM.01.CM1239CAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MUS.2.CM.01.CM1246ACAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
MUS.3.GA.99.099gab0181ACAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
OLC.CI.97.97C112C.....A.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
RCM.CM.00.SIVagi.00C312A.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081CT.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1A.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
SAB.SN.x.SAB1T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.CI.79.SIVsmC12A.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.SL.92.SIVsmSL92AA.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.SL.92.SL92BA.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.US.06.F10T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8A.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.US.06.FU212A.....R.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SMM.US.x.H9G.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
SUN.GA.98.L14TC.....A.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
SYK.KE.x.KE51CA.....T.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
SYK.KE.x.SYK173_COMGNMCA.....T.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
TAL.CM.00.266CAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
TAL.CM.01.8023CAG.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
TAN.UG.x.SIVagmTAN1T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
VER.KE.x.AGM155C.....A.....G.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
VER.ZA.10.VSAC4084A.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
VER.ZA.10.VSAG1903A.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
VER.ZA.10.VSAM0022A.....T.....C.....A.....G.....	GGAGGG...CAA...1633
WRC.CI.98.98C104T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02T.....C.....A.....C.....A.....	GGAGGG...CAA...1633

H18_FR.83.HXB2
Gag
Pol
H1A1_UG.85.U455.U455A
H1A1_FT.86.ETH2220
H1F1_BE.93.V1850
H10_BE.87.ANT70
H10_CM.91.MVP5180
H10_CM.98.98CMA185
H10_CM.98.98CMA187
H10_SN.99.99SE.MP1299
H10_US.99.99USTWLA
H1N_CM.02.DJ00131
H1N_CM.04.04CM.1015_04
H1N_CM.04.04CM.1131_03
H1N_CM.05.YBF39
H1P_CM.06.U14788
CPZ_CD.06.BF1167
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ_CM.05.LB715
CPZ_CM.05.SIVcpzDP943
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7
CPZ_CM.05.SIVcpzHB66
CPZ_CM.05.SIVcpzHB897
CPZ_GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ_TZ.00.TAN1
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ_TZ.09.UG38
CPZ_US.85.US.Marilyn
GOR_CM.04.SIVgorCP84con
GOR_CM.07.SIVgor2139_287
GOR_CM.07.SIVgorCP2135con
GOR_CM.12.SIVgor.BPID1
GOR_CM.12.SIVgor.BOID2
GOR_CM.13.SIVgor.BPID15

Table with 3 columns: Gag p7 nucleocapsid end, Gag p1 start, Gag p1 end, Gag p6 start. It shows sequence alignments for various HIV strains, with gaps indicated by dashes.

MAL_US.x.239
Gag
Pol
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A_SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2B_GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.ABY96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC_UG.10.RT03
ASC_UG.10.RT11
ASC_UG.10.RT18
COL_CM.x.CGU1
COL_UG.10.BWC01
COL_UG.10.BWC07
DEB_CM.04.SIVdeb04CPMF3061
DEB_CM.09.CM140
DEB_CM.09.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gr1_1
GSM_CM.99.CM166
GSM_CM.99.CM71
LST_CD.88.SIVlhoest485
LST_CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL_ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND_1.GA.x.MND01
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE_US.x.MNE027
MON_CM.99.L1.CM1L1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_3.GA.09.09gab0181
OLC.CI.97.97C12
RCM_CM.00.SIVag1_09C312
RCM_CM.00.SIVag1_02CMB081
RCM_GA.x.SIVRCMGAB1
SAB_SN.x.SAB1
SHM.CI.79.SIVsmCI2
SHM_SL.92.SIVsmSL92A
SHM_UG.92.S192B
SHM_US.06.FT0
SHM_US.11.SIVsmE660_FL8
SHM_US.86.CFU212
SHM_US.x.H9
SUN_GA.98.L14
SYK_KE.x.AG195
SYK_KE.x.SYK173_COMGNM
TAL_CM.00.266
TAL_CM.01.8023
TAN_UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AG195
VER_ZA.10.VSAC4004
VER_ZA.10.VSAG1003
VER_ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

Table with 3 columns: Gag p8 Nucleocapsid end, Gag p1 Spacer start, Gag p1 spacer end, Gag p6 start. It shows sequence alignments for various HIV strains, with gaps indicated by dashes.

Table with HIV sequence alignments for Gag and Pol regions. Includes headers for Gag Pol TF end, Pol protease start, Gag end, and Gag p6 end. Lists various HIV strains and their corresponding nucleotide sequences.

Table with HIV sequence alignments for Pol and PLV regions. Includes headers for Pol Protease start, Gag end, and Gag p6 end. Lists various HIV strains and their corresponding nucleotide sequences.

Table of PLV genome alignments. Columns include accession numbers (e.g., H1A1.UG.85.U455), host names (e.g., Pol, H2A.DE.x.BEN), and sequence coordinates. The table shows multiple sequence alignments with gaps and matches.

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

Table of sequence alignments for HIV-1 p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start. Includes sequences for H1A1.UG.85.U455.U455A, H1C.ET.86.ETH2220, H1F.1E.93.VI1850, etc.

Pol RT end_Pol p15 RNase H start

Table of sequence alignments for Pol RT end_Pol p15 RNase H start. Includes sequences for MAC.US.x.239, H2A.DE.x.BEN, H2A.PT.x.AL1, etc.

Table of PLV genome alignments. Columns include reference sequence (AGCTAAAA...GGAAGACCCATGCATGGACAAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGAAAAGTTATCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATAGAAGCAGAAGTTATCCACGACAAAACAGGGCAGGAAACACGATAT 4526) and various sample identifiers (e.g., H1B_FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455.U455A, H1C.ET.86.ETH2220, H1L.BE.93.HYR30, H1O.BE.87.ANT70, H1O.CM.91.MVP5180, H1O.CM.98.98CMA105, H1O.CM.98.98CMA105, H1O.CM.98.98CMA105, H1O.SN.99.99S1299, H1O.US.99.99USTWLA, H1N.CM.02.DJ00131, H1N.CM.04.04CM.1015.04, H1N.CM.04.04CM.1131.03, H1N.CM.05.YBF30, H1P.CM.06.U14788, CPZ.CD.06.BF1167, CPZ.CD.90.ANT, CPZ.CD.90.ANT, CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13, CPZ.CM.05.LB715, CPZ.CM.05.SIVcpzDP943, CPZ.CM.05.SIVcpzEK505, CPZ.CM.05.SIVcpzLB7, CPZ.CM.05.SIVcpzMB66, CPZ.CM.05.SIVcpzMB897, CPZ.GA.98.SIVcpzGAB2, CPZ.TZ.08.TAN1, CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13, CPZ.TZ.09.UG38, CPZ.US.85.US.Marilyn, GOR.CM.04.SIVgorCP684con, GOR.CM.07.SIVgorP2139.287, GOR.CM.07.SIVgorCP2135con, GOR.CM.12.SIVgorBPID1, GOR.CM.12.SIVgorBPID2, GOR.CM.13.SIVgorBPID15, MAC.US.x.239, H2A.DE.x.BEN, H2A.PT.x.AL1, H2A.SN.86.ST.JSP4.27, H2B.CI.x.EHO, H2B.GH.86.D205.ALT, H2G.CI.92.Abt96, H2U.CI.07.071C.TMP3, H2U.FR.96.12034, ASC.UG.10.RT03, ASC.UG.10.RT08, ASC.UG.10.RT11, COL.CM.x.CGUI, COL.UG.10.BWC01, COL.UG.10.BWC07, DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061, DEB.CM.99.CM40, DEB.CM.99.CM5, DRL.DE.11.D3, DRL.DE.11.D4, GRV.ET.x.GRI.677.gri.1, GSN.CM.99.CN166, GSN.CM.99.CN71, LST.CD.88.SIVlhoest485, LST.CD.88.SIVlhoest524, LST.KE.x.lho7, MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB, MND.1.GA.x.MNDGB1, MND.2.CM.98.CM16, MND.2.GA.x.H14, MND.2.x.x.5440, MNE.US.x.MNE027, MON.CM.99.L1.99CML1, MUS.1.CM.01.CM1239, MUS.2.CM.01.CM1246, MUS.3.GA.99.09gab0181, OLC.CI.97.97CI12, RCM.CM.00.SIVagi.00CM312, RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081, RCM.GA.x.SIVRCMGAB1, RCM.SN.x.SAC106, SMM.CI.79.SIVsmC12, SMM.SL.92.SIVsmSL92A, SMM.SL.92.SL92B, SMM.US.06.F10, SMM.US.11.SIVsmE660_FL8, SMM.US.86.CFU212, SMM.US.x.H9, SUN.GA.98.L14, SVK.KE.x.KE51, SVK.KE.x.SYK173.COMGNM, TAL.CM.00.2066, TAL.CM.01.8023, TAN.UG.x.SIVagmTAN1, VER.KE.x.AGM155, VER.ZA.10.VSAC4084, VER.ZA.10.VSAG1003, VER.ZA.10.VSAM0022, WRC.CI.98.98CI04, WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02)

H1B_FR.83.HXB2
Pol
H1A1.UG.85.U455 U455A
H1C_ET.86.ETH2220
H1D_FR.93.YRF30
H10_BE.87.ANT780
H10_CM.91.MVP5180
H10_CM.98.98CMA105
H10_CM.98.98CMA197
H10_SN.99.9955.MP1299
H10_US.99.99U5T1WLA
H1N_CM.02.DJ00131
H1N_CM.04.04CM.1015.04
H1N_CM.04.04CM.1131.03
H1N_CM.05.YBF30
H1P_CM.06.U14788
CPZ_CD.06.BF1167
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ_CM.05.LB715
CPZ_CM.05.SIVcpzDP943
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66
CPZ_CM.05.SIVcpzMB897
CPZ_GA.98.SIVcpzGAB2
CPZ_TZ.08.TAN1
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ_TZ.09.UG38
CPZ_US.85.US.Marilyn
GOR_CM.04.SIVgorCP684con
GOR_CM.07.SIVgorP2139.287
GOR_CM.07.SIVgorCP2135con
GOR_CM.12.SIVgor.BPID1
GOR_CM.12.SIVgor.BOID2
GOR_CM.13.SIVgor.BPID15

MAC_US.x.239
Pol
H2A_DE.x.BEN
H2A_PT.x.AL1
H2A_SN.86.ST.JSP4.27
H2B_CJ.x.EHO
H2B_GH.86.D205.ALT
H2G_CJ.92.Abt96
H2U_CJ.07.071C.TMP3
H2U_FR.96.12034
ASC.UG.10.R1B3
ASC.UG.10.R1B8
ASC.UG.10.R1B8
ASC.UG.10.R1T1
COL_CM.x.CG1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB_CM.04.SIVdeb04MPCF3061
DEB_CM.99.CM40
DEB_CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN_CM.99.CN166
GSN_CM.99.CN71
LST_CD.88.SIVlhoest485
LST_CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL_ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE_US.x.MNE027
MON_CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.99.09gab0181
OLC.CJ.97.97C12
RCM_CM.00.SIVagi.00CM312
RCM_CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM_CM.x.SIVRCMGAB1
SAB_SN.x.SAB1
SMM_CJ.79.SIVsmC12
SMM_SL.92.SIVsmSL92A
SMM_SL.92.SL92B
SMM_US.06.F10
SMM_US.11.SIVsmE660_FL8
SMM_US.86.GFU212
SMM_US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL_CM.00.2661
TAL_CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4084
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

Multiple sequence alignment table with columns for sequence identifiers and nucleotide bases (A, C, G, T, -, *). The table contains two main sections of sequences, each with a header row and a corresponding sequence row. The first section starts with 'TTTTCTTTTAAATAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACATGACAAATGGCAGCAATTTACCCGGTGCTACGGTTAGGCGCCGCTGTGGTGGCGGGAAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTCAACATCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCTAGTAATAA' and the second section starts with 'MAC_US.x.239 Pol H2A_DE.x.BEN H2A_PT.x.AL1 H2A_SN.86.ST.JSP4.27 H2B_CJ.x.EHO H2B_GH.86.D205.ALT H2G_CJ.92.Abt96 H2U_CJ.07.071C.TMP3 H2U_FR.96.12034 ASC.UG.10.R1B3 ASC.UG.10.R1B8 ASC.UG.10.R1T1 COL_CM.x.CG1 COL.UG.10.BWC01 COL.UG.10.BWC07 DEB_CM.04.SIVdeb04MPCF3061 DEB_CM.99.CM40 DEB_CM.99.CM5 DRL.DE.11.D3 DRL.DE.11.D4 GRV.ET.x.GRI.677.gri.1 GSN_CM.99.CN166 GSN_CM.99.CN71 LST_CD.88.SIVlhoest485 LST_CD.88.SIVlhoest524 LST.KE.x.lho7 MAL_ZM.09.SIVagmMAL_ZMB MND.1.GA.x.MNDGB1 MND.2.CM.98.CM16 MND.2.GA.x.M14 MND.2.x.x.5440 MNE_US.x.MNE027 MON_CM.99.L1.99CML1 MUS.1.CM.01.CM1239 MUS.2.CM.01.CM1246 MUS.3.GA.99.09gab0181 OLC.CJ.97.97C12 RCM_CM.00.SIVagi.00CM312 RCM_CM.02.SIVrcm.02CM8081 RCM_CM.x.SIVRCMGAB1 SAB_SN.x.SAB1 SMM_CJ.79.SIVsmC12 SMM_SL.92.SIVsmSL92A SMM_SL.92.SL92B SMM_US.06.F10 SMM_US.11.SIVsmE660_FL8 SMM_US.86.GFU212 SMM_US.x.H9 SUN.GA.98.L14 SYK.KE.x.KE51 SYK.KE.x.SYK173.COMGNM TAL_CM.00.2661 TAL_CM.01.8023 TAN.UG.x.SIVagmTAN1 VER.KE.x.AGM155 VER.ZA.10.VSAC4084 VER.ZA.10.VSAG1003 VER.ZA.10.VSAM0022 WRC.CI.98.98CI04 WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02'. The alignment shows conserved regions and variations across these sequences.

AGAAATTAAGAAAATATAGGACAGGTAAAGATCAGGCTGACATCTTAAGACAGCAGTACAAATGGCAGTATTCATCCACAATTTTAAAGAAAAGGGGGGATGGGGGTGACAGTGCAGGGAAAAGATAGTAGACATAAATGACCAACAGACATACAACTAAAGAAT	4866
ELK K I I G Q V R D Q A E H L K T A V Q M A V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I V D I I A T D I O T K E	4312
G - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - -	4306
G - - - - - A - G - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - -	4921
G - - - - - ATC - - - - CAG - - - - G - G - C - A - A - G - - - - CT - A - GA - - - - - TG - T - - - - C - - - - A - G - A - - - - T - T - C - A - - - - A - C - - - -	4895
H10. CM. 91. MVP5180	4352
H10. CM. 98. 98CMA105	4303
H10. CM. 98. 98CMA197	4349
H10. SN. 99. 99S1299	4372
H10. US. 99. 99U5TWL4	4371
H1N. CM. 02. DJ00131	4370
H1N. CM. 04. 04CM 1015 04	4460
H1N. CM. 04. 04CM 1131 03	4974
H1N. CM. 05. YBF30	4305
H1P. CM. 06. U14788	4446
CPZ. CD. 06. BF1167	4305
CPZ. CD. 90. ANT	4446
CPZ. CM. 01. SIVcpzCAM13	4887
CPZ. CM. 05. LB715	4438
CPZ. CM. 05. SIVcpzDP943	4421
CPZ. CM. 05. SIVcpzEK505	4412
CPZ. CM. 05. SIVcpzLB7	4432
CPZ. CM. 05. SIVcpzMB66	4359
CPZ. CM. 05. SIVcpzMB897	4510
CPZ. ZA. 98. SIVcpzGAB2	4507
CPZ. TZ. 08. TAN1	4484
CPZ. TZ. 06. SIVcpzTAN13	4926
CPZ. TZ. 09. UG38	4372
CPZ. US. 85. US Marilyn	4402
GOR. CM. 04. SIVgorCP684con	4214
GOR. CM. 07. SIVgorCP2139 287	4336
GOR. CM. 07. SIVgorCP2135con	4207
GOR. CM. 12. SIVgor BPID1	
GOR. CM. 12. SIVgor BPID2	
GOR. CM. 13. SIVgor BPID15	
MAC. US. x. 239	
CC-CC-G-A-TCAA-ATAGAA-C-G-A-A-AA-TTCAG-AG-A-CAT-TT-TCATTG-ATG-GG-A-A-A-ATATG-C-C-CA-T-A-TA-G-C-A-T-ACA-G-G-TAC-TTTC 5165	
HLKKNQIDRIREEQANSEVETIVLMAVHCFMNFKR RGGGAGIGDMTPAERLILINMIITTEQEIQF	
CC-CC-TTCAG-A-TAGAA-T-G-AA-TACAA-AG-A-AT-TG-TCATTG-ATG-GG-A-A-A-ATATG-CCC-CA-C-A-CA-G-G-TA-C-ACA-G-TAC-TTCC 5248	
H2A. DE. x. BEN	5241
H2A. PT. x. AL1	4693
H2A. SN. 86. ST JSP4 27	5219
H2B. CI. x. EHO	5221
H2B. GH. 86. D205 ALT	4575
H2G. CI. 92. Abt96	4680
H2U. CI. 07. 071C TMP3	4271
H2U. FR. 96. 12034	4472
ASC. UG. 10. RT83	4621
ASC. UG. 10. RT08	4295
ASC. UG. 10. RT11	4280
COL. CM. x. CGU1	4629
COL. UG. 10. BMC01	4428
COL. UG. 10. BMC07	4656
DEB. CM. 04. SIVdeb04MCP3061	4853
DEB. CM. 99. CM40	4672
DEB. CM. 99. CM5	4666
DR1. DE. 11. D3	4340
DR1. DE. 11. D4	4411
GRV. ET. x. GRI 677 gri 1	5039
GSN. CM. 99. CN166	4594
GSN. CM. 99. CN71	4576
LST. CD. 88. SIVlhoest485	4143
LST. CD. 88. SIVlhoest524	4440
LST. KE. x. lho7	5227
MAL. ZM. 09. SIVagmMAL_ZMB	5071
MND. 1. GA. x. MNDGB1	4553
MND. 2. CM. 98. CM16	4867
MND. 2. GA. x. M14	4794
MND. 2. x. x. 5440	4427
MNE. US. x. MNE027	4633
MON. CM. 99. L1 99CML1	4569
MUS. 1. CM. 01. CM1239	4546
MUS. 2. CM. 01. CM1246	4654
MUS. 3. GA. 99. 09Gaba0181	4122
OLC. CI. 97. 97C112	4734
RCM. CM. 00. SIVagi 00CM312	4137
RCM. CM. 02. SIVrcm 02CM8081	4155
RCM. CM. x. SIVRCMGB1	4345
RSC. SN. x. SABA	5264
SMM. CI. 79. SIVsmC12	4447
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	5155
SMM. SL. 92. SL92B	4410
SMM. US. 06. F10	4245
SMM. US. 11. SIVsmE660 FL8	4596
SMM. US. 86. CFU212	4447
SMM. US. x. H9	4447
SUN. GA. 98. L14	4638
SYK. KE. x. KE51	4721
SYK. KE. x. SYK173 COMGNM	4506
TAL. CM. 00. 2661	4832
TAL. CM. 01. 8023	4330
TAN. UG. x. SIVagmTAN1	5065
VER. KE. x. AGM155	5085
VER. ZA. 10. VSA4084	4589
VER. ZA. 10. VSA61003	4588
VER. ZA. 10. VSA08022	4592
WRC. CI. 98. 98CI04	5178
WRC. GM. 05. Pbt 05GM X02	4092

Table of HIV sequence alignments. The table lists various HIV strains (e.g., H1B_FR.83.HXB2, H1A1_UG.85.U455.U455A, H1C_ET.86.ETH2220) and their corresponding nucleotide sequences aligned to a reference sequence. The reference sequence is shown at the top: TACA AAAACA AAT... .ACAAAAATCAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCGAAAATCCACTTTGGAAAGGCACGACAAAGCTCCTCGGAAAGGTGAAGGGGCGAGTAGTAATACAAGATAAGT... .GACATAAAAGTAGTGCAAGAAGAAAAGCAAGATC 5030. The alignment shows gaps (dashes) and nucleotide matches (letters) for each strain. Strain names are listed on the left side of the alignment. The right side of the alignment shows the reference sequence and a column of accession numbers (e.g., 4476, 4479, 4482, 4490, 4508, 4509, 4516, 4467, 4508, 4513, 4536, 4535, 4534, 4624, 4501, 5138, 4469, 4610, 5051, 4616, 4602, 4585, 4576, 4596, 4583, 4674, 4671, 4648, 5090, 4486, 4897, 4566, 4378, 4500, 4371).

	Vif start	Pol, Gag-Pol, and p31 integrase end	TAG	
H1B. FR. 83. HXB2	ATTAGGATTATGGAAACAGATGGCAGGTGATGATTTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGAT	5096
Vif	M E N R W Q V M I V W Q V D R M R I		R	
Pol	I R D Y G K Q M A G D D C V A S R Q D E D		*	
H1A1.UG.85.U455.U455A	4542
H1C.ET.86.ETH2220	4488
H1F1.BE.93.VI850	4436
H10.BE.87.ANT70	5181
H10.CM.91.MVP5180	5155
H10.CM.98.98CMA185	4612
H10.CM.98.98CMA185	4563
H10.SN.99.99SE.MP1299	5179
H10.US.99.99USTWLA	4609
H1N.CM.02.DJ00131	4614
H1N.CM.04.04CM.1015.04	4613
H1N.CM.04.04CM.1131.03	4612
H1N.CM.05.YBF39	4702
H1P.CM.06.U14788	4588
CPZ.CD.06.BF1167	5204
CPZ.CD.90.ANT	4535
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	4676
CPZ.CM.05.LBT15	5129
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	4694
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	4680
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	4651
CPZ.CM.05.SIVcpzHB66	4654
CPZ.CM.05.SIVcpzHB897	4662
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	4501
CPZ.TZ.00.TAN1	4740
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	4737
CPZ.TZ.09.UG38	4726
CPZ.US.04.Marilyn	5126
GOR.CM.04.SIVgorCP84c4con	4573
GOR.CM.07.SIVgor2139.287	4654
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	4653
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1	4465
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2	4587
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15	4458
	Vif start	Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end		
MAL.US.x.239	5410
Vif	I K D Y G E F G K E R W D S A S P T H M E R T P E A R E V A H		S	
H2A.DE.x.BEN	5493
H2A.PT.x.ALI	5486
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	4938
H2B.CI.x.EH0	5473
H2B.GI.86.D205.ALT	5473
H2C.CI.92.AB196	4920
H2U.CI.07.07IC.TMP3	4943
H2U.FR.96.12034	4987
ASC.UG.10.RT03	4517
ASC.UG.10.RT08	4541
ASC.UG.10.RT11	4526
COL.CM.x.CGU1	4886
COL.UG.10.BWC01	4685
COL.UG.10.BWC02	4919
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	5082
DEB.CM.09.CH40	4901
DEB.CM.09.CH5	4895
DRL.DE.11.D3	4569
DRL.DE.11.D4	4570
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	5314
GSN.CM.99.CN166	4829
GSN.CM.99.CN71	4838
LST.CD.88.SIVlhoest485	4364
LST.CD.88.SIVlhoest524	4361
LST.KE.x.lho7	5448
MAL.ZM.09.SIVagMAL_ZMB	5301
MND.1.GA.x.MND6B1	4791
MND.2.CM.98.CM16	5096
MND.2.GA.x.M14	5024
MND.2.x.x.5440	4659
MNE.US.x.MNE027	4878
MON.CM.99.L1.99CML1	4820
MUS.1.CM.01.CM1239	4797
MUS.2.CM.01.CM1246	4905
MUS.3.GA.09.09gab0181	4382
OLC.CI.97.97C12	4948
RCM.CM.09.SIVag1.09C312	4370
RCM.CM.02.SIVag1.02CMB081	4388
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	4581
SAB.SN.x.SAB1	5506
SMM.CI.79.SIVsmCI2	4539
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	4514
SMM.SL.92.SL92B	4811
SMM.US.06.G1	4692
SMM.US.11.SIVsmE660_FLB	5400
SMM.US.86.CFU212	4656
SMM.US.x.H9	4883
SUN.GA.98.L14	5497
SYK.KE.x.KE51	4945
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	5293
TAL.CM.00.266	5086
TAL.CM.01.8023	4584
TAN.UG.x.SIVagTAN1	5286
VER.KE.x.AG155	5342
VER.ZA.10.VSAC4004	4828
VER.ZA.10.VSAG1003	4824
VER.ZA.10.VSAM0022	4831
WRC.CI.98.98C104	5398
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02	4315

Table with columns for accession numbers, coordinates, and sequence alignments. Includes entries like H1A1_U8_05_U455_U455A, H1F1_BE_93_V1850, H10_BE_87_ANT70, etc.

Table with columns for accession numbers, coordinates, and sequence alignments. Includes entries like MAC_US_x_239, H2A_DE_x_BEN, H2A_PT_x_ALI, H2A_SN_86_S2_JSP4_27, etc.

H1B.FR.83.HXB2	ACAACATATTTGGGGTCTGCATACA.....GGAGAAAGAGACTGGCAT.....	TTGGGTCA	5288	
Vif	T T Y W G L H T G E R D W H	L G Q		
H1A1.UG.85.U455.U455A	-G-----T-----A-----		4734	
H1C.ET.86.ETH2220	-A-----G-----A-----		4680	
H1L1.BE.93.BE180	-C-----AT-ATGC-----G-----TGAA-----	C-----A-----	5342	
H10.BE.87.ANT780	-C-----AT-ATGC-----G-----TGAA-----	C-----A-----	5343	
H10.CM.91.MVP5180	-C-----AT-AATGC-----G-----GGAA-C-----	A-----A-----	5317	
H10.CM.98.98CMA105	-C-----AT-ATGC-----G-----TGWA-M-----	A-----A-----	4774	
H10.CM.98.98CMA105	-C-----GT-ATGC-----G-----GA-TGAA-G-----	A-----A-----	4725	
H10.SN.99.99S.MP1299	-C-----AT-ATGC-----G-----TGAA-----	A-----A-----	5341	
H10.US.99.99USTWLA	-T-----AT-AATGC-----G-----TGA-----	C-A-A-----	4771	
H1N.CM.02.DJ00131	-C-T-----A-AAAC-----G-GTCT-----	C-A-A-----	4794	
H1N.CM.04.04CM.1015.04	GTC-T-----AT-AAAC-----G-CAGCCT-----	C-A-A-----	4793	
H1N.CM.04.04CM.1131.03	GTC-T-----A-AAAC-----G-CAGCCT-----	C-A-A-----	4792	
H1N.CM.05.YBF38	GTC-T-----G-AAATGC-----G-CAGTCT-----	C-A-A-----	4882	
H1P.CM.06.U14788	-T-----G-CATGC-T-----G-AGAA-A-----	C-A-A-----	4759	
CPZ.CO.06.BF1167	-T-----C-A-CTGT-----G-A-CT-----	C-T-A-----	5399	
CPZ.CO.90.ANT	---GTG-TC---AT-A-ATGT-----C-CCCA-----	A-----A-----	4733	
CPZ.CO.01.SIVcpzCAM13	---C-----C-T-AAAC-----CG-----	A-----A-----	4871	
CPZ.CO.05.LB715	GT-T-----AT-AAATGC-----GCAT-A-----C-----	C-A-A-----	5309	
CPZ.CO.05.SIVcpzDP943	-C-C-----AT-AAATGC-----GCAT-A-----C-----	C-A-A-----	4874	
CPZ.CO.05.SIVcpzEK505	GTT-C-----AT-AATGC-----G-CCA-----	A-----A-----	4860	
CPZ.CO.05.SIVcpzLB7	GT-T-----A-TACAC-----C-G-----C-----	A-----A-----	4843	
CPZ.CO.05.SIVcpzMB66	CPZ.CO.05.SIVcpzMB66	C-A-C-----	4834	
CPZ.CO.05.SIVcpzMB897	GT-C-----A-CATGC-----C-----	C-A-A-----	4854	
CPZ.CO.88.SIVcpzGAB2	TGT-C-----AA-T-AAATGC-----CA-CCA-----	C-A-C-----	4931	
CPZ.TZ.08.TAN1	TT-CAT-----AT-AGC-TGT-----G-G-CCA-----CTAGTCAATGGC	A-----A-----	4939	
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	CT-CAT-----AT-AGC-TGT-----G-G-CCA-----	A-----A-----	4932	
CPZ.TZ.09.UG38	TT-CAC-----AGCCTGT-----G-G-CCA-----	A-----A-----	4909	
CPZ.US.85.US.Marilyn	-T-G-----GT-A-A-----CA-C-----C-----	A-----A-----	5348	
GOR.CO.04.SIVgorCP684con	-C-----A-CATGC-----AG-AGAA-A-----	A-----CA-----	4744	
GOR.CO.07.SIVgorCP2135con	-C-----A-CATGC-----AG-AGAA-A-----	A-----C-----	4824	
GOR.CO.12.SIVgor.BPID1	-T-----A-CATGC-T-----G-A-AGAR-A-----	A-----G-----	4636	
GOR.CO.12.SIVgor.BPID2	-C-----T-ATGC-R-----G-GM-CTGAR-A-----	AA-----	4758	
GOR.CO.13.SIVgor.BPID15	-C-C-C-----G-CATGC-T-----T-A-AGAT-G-----	G-----	4629	
MAC.US.x.239	CA-GGG-----CA-T-ACAC-----A-GG-----TCAGTACTTATGCA.....	5597		
Vif	O G Y W H L T P E K G W L S T Y A			
H2A.DE.x.BEN	CAGG-----AAC-AAAC-----A-GA-----TCTCTCTCATGCA.....	5680		
H2A.DT.x.ALT	CAGG-----AAC-AAAC-----A-GA-----TCTCTCTCATGCA.....	5673		
H2A.SN.86.SIVcpzJSP4.27	CAGG-C-----AAC-AAAC-----A-GA-----TCTCTCTCATGCA.....	5125		
H2B.CI.x.EH0	CA-GG-C-----AAC-ACCC-----G-GA-TCTTGAGTCTCTATGCT.....	5651		
H2B.GH.86.D205.ALT	CA-GG-----AAC-AAAC-----G-GA-TCTTGAGTCTCTATGCT.....	5653		
H2G.CI.92.Abt96	CA-GGG-----AACT-ACCC-T-----AG-GA-----TTAAGCCAGTATGCA.....	5007		
H2U.CI.07.071C.TMP3	CAGG-C-----AA-T-ACAC-----G-AG-GA-----T-CAACATATGCA.....	5112		
H2U.FR.96.12034	CA-G-C-----AA-T-ACAC-----G-AG-GA-----T-CAACATATGCA.....	5188		
ASC.UG.10.R183	GA-G-ACAGCCATAGAAGTACA.....ATATTGT-G-TCTGTCAA-TTG-AGAAGTAGGGATCCACCTGGAAACAAGAGACACACAAGCCCTTACTATTAGT.....TGGACTTACACC	AG-TTGAC	4775	
ASC.UG.10.R108	GA-G-ACAGCCATAGAAGTACA.....ATATTGT-G-CTGTCAA-TTG-AGAAGTAGGAATCCACCTGGAGTAAGAGACACACAAGCTTACTATTAGT.....TGGACTTACACC	AGATTGA-	4799	
ASC.UG.10.RT11	GA-G-ACAGCCATAGAAGTACA.....ATATTGT-G-CT-TCAA-TTG-AGAAGTAGGGATCCACCTGGAGTAAGAGACACACAAGCCCTCCTATTAGT.....TGGACTTACACC	AGATTG-	4784	
COL.CO.x.CGUI	-T-TAC-TGG-CAC-T-AAACCC-----T-----T-TCATAGAGGACACCA.....	5046		
COL.UG.10.BWC01	-T-TGCTG-C-A-T-AGGA-----T-----T-TCATAGAGGAGACCA.....	5046		
COL.UG.10.BWC07	-T-TGCTA-CA-T-AGG-----T-----T-GTITTCATAGAGGAGTGA.....	5079		
DEB.CO.04.SIVdeb04CMPF3061	GA-CTC-TC-----T-C-AGCG-----A-GA-----TTGCCAGGAATGGCA.....	5285		
DEB.CO.99.CM40	GA-TT-CTA-----T-CT-ACCC-----G-A-GA-----TACCACTATGGCA.....	5104		
DEB.CO.99.CM5	GA-T-T-TC-----A-C-GC-C-----A-GG-----ATGCCCTCTATGGCC.....	5098		
DR1.DE.11.D3	---GTCCTG---AAC-CAAC-----C-A-GG-----TTAAGTAATATGCCATA.....	4772		
DR1.DE.11.D4	---GTCCTG---AAC-CAAC-----C-A-GG-----TTAAGTAATATGCCATA.....	4772		
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1	-AT-TT-----CACAA-CACCC-----A-GA-----TCTCAAGTACGGA.....	5473		
GSN.CO.99.CN166	GA-GT-G-AGCAACATATATAGAGATAAATCTCTAT-G-C-AC-A-T-----GGACAGCTAGCTTATCCCGGTCCACTATTACCAACAAGCAGTCAATAAGATGGGTATACAAC	TAGG	5473	
GSN.CO.99.CN71	GA-GT-G-AGCCACATATATAGAGATAAATCTCTAT-G-C-AC-TA-T-----GGACAGCTAGCTTATCCCGGTCCACTACTACCAACAAGCAGTCAATAAGATGGGTATACAAC	AGAA-CA-	5106	
LST.CO.88.SIVlhoest485	-G-TGC-----GCACACT-GCAG-----G-GA-----ATCTCTCAGTGGGCA.....	4563		
LST.CO.88.SIVlhoest524	-G-TT-----GCTCA-GCAG-----G-GA-----AT-TCACAGTGGGCA.....	4568		
LST.KE.x.lho7	-G-T-----GCACA-T-GCAG-----G-G-GA-----ATCTCACAATGGGCA.....	5647		
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	-TG-TC-----CACT-ACCC-----C-G-CG-GA-----TCTCCATATGCA.....	TAGG	5505	
MND-1.GA.x.MNDGB1	-G-GC-----CA-T-A-T-----GGT-GA-----CTTAAGTACTTATGCAGTAAGCATA.....	AAGC	5008	
MND-2.CM.98.CM16	-C-TCTG-----AACT-AAAC-----A-GA-----TATCAACTTATGGC.....	5296		
MND-2.GA.x.H14	-TG-CCTA-----AACT-ACCC-----A-GA-----TTACTCAATATGCA.....	5223		
MNE.2.x.x.5440	-CGTC-TG-----AACT-ACCC-----A-GG-----TGCTCAATACCC.....	4859		
MNE.US.x.MNE027	CA-GGG-----AA-T-AAAC-----G-G-----TCAGTACTTATGCA.....	5065		
MON.CO.99.L1.99CML1	TATTGG-GATAACAA-TT-TGG-----CTT-ACAAAGCTGGGACTTATGCACCTCCACCAACAGTGTACAAC.....AAACAGGCTACACAATAAGATGGGTTTATTGGATGCAAAAAGTGGAAACGGGTCCCTTTAGATCCCGTG.....G-AA-C	5114		
MUS-1.CM.01.CM1239	TTT-T-G-GATAACAG-C-TATGG-----TGTGACTAATGTAGGACAGCAAGCTTATCCAAAGTACCTATGG.....AAGCAGTCAATCTCGAATGGGATACATG.....	AG-AAAGG	5055	
MUS-2.CM.01.CM1246	TAC-T-G-GATAACCA-ATTGTT-----TGTCAACAAGCTAGGGCAGCAGTTTATCAAGGTCCACTATGG.....CAGCAATCTTATCTCGAAGTGGGATACATG.....	AG-CAGC	5163	
MUS-3.GA.09.09GAB00181	TGG-T-G-GGCCACC-ATATAGA-ATAACGTACTTT-G-TGTGAC-ATGTAGGATATGCCAGCTGTCTAGAAAGTACAAATGG.....AGGCAGCATATATATTGGATTTGCTCATCG.....	AG-A-G-	4640	
OLC.CI.97.97CI12	---CTC-C-----CA-A-TAGACAT-----GG-A-GA-TA-AAATTCAGGTGGGGT.....	5151		
RCM.CO.00.SIVagi.00CM312	-C-T-----AA-CACAG-----AG-GA-----TTAAGTACTTATGGA.....	G-A-GAT	4580	
RCM.CO.02.SIVrcm.02CM8081	-C-C-----AA-AAACA-----AG-GG-----TGGGAATTTATGGG.....	GCA-C-T	4598	
RCM.CO.x.SIVRCMGAB1	-C-C-----AA-T-ACAGT-----AG-GA-----TAGGGACATATGGG.....	G-A-AAT	4791	
SMM.CO.99.266	CA-GA-T-----AA-CAAC-----G-A-GA-----TTAGAACATATGCA.....	ACAGG	4717	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	CA-GGG-C-----AA-AAAC-----G-A-GA-----TCTCTTATATGCA.....	4717		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	CA-GG-----AA-AAAC-----G-A-GA-----TGCTCTTATATGCA.....	4677		
SMM.SL.92.SL92B	CA-GTG-C-----AA-ACCC-----A-GA-----TATCAAGCTATGCA.....	5031		
SMM.US.06.F10	CA-GG-----AACT-ACAC-----G-AG-GA-----TCAGTACTTATGCA.....	4879		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	CA-GG-----AA-T-GCAG-----A-GA-----TCAGTACTTATGCA.....	5387		
SMM.US.86.FU212	CA-GGG-C-----AACT-AAAC-----G-A-GA-----TGCTCAATACCC.....	4843		
SMM.US.x.H9	CA-GG-----AA-T-ACAC-----GRA-GG-----TCAGTACTTATGCA.....	5070		
SUN.GA.98.L14	-GG-TC-----G-ACAC-CACAC-----C-A-GG-T-AT-AAACAGTGGGGA.....	5697		
SYK.KE.x.KE51	-A-TTC-CATAA-T-ACAC-----A-G-C-CT-TTAAGAACAAGAGGGA.....	GTAGGATTAAT	5152	
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	-GTTT-CAACA-T-GCCC-----GA-----TTACATATGAGGGA.....	5489		
TAL.CO.00.266	---GTTT-CAACA-T-GCCC-----CCAT-GA-ATACATCCGATTGGGACACAATATCCATT.....	GAG-G-TCAGT	5299	
TAL.CO.01.8023	-TCAG-----T-CT-AGCAC-----C-AG-GA-ACACATCAGACTGGGATACAATATCCATT.....	GAG-G-TCAGT	4797	
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	GATTGT-C-----CAC-AGCC-----CAG-GA-----TCTCACTATGCA.....	TAGC	5499	
VER.KE.x.AGM155	GAT-TC-----CA-T-AGC-C-----A-CA-GA-----TCTCAACTTATGCA.....	TAGG	5519	
VER.ZA.10.VSAC4084	VER.ZA.10.VSAC4084	A-GA-----TCTCTACTTATGCA.....	TAGG	5020
VER.ZA.10.VSAG1003	VER.ZA.10.VSAG1003	A-GA-----TCTCTACTATGCA.....	TAGG	5016
VER.ZA.10.VSAM0022	VER.ZA.10.VSAM0022	A-GA-----TCTCAACTTATGCA.....	TAGG	5023
WRC.CI.98.98CI04	WRC.CI.98.98CI04	-AG-GA-----TTAGACACCATGGGGTTT.....	5604	
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02	WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02	-T-GA-----ATAGATACTTTGGGATTC.....	4521	

H1B.FR.83.HXB2
 Vif
 H1A1.UG.85.U455.U455A
 H1C.ET.86.ETH2220
 H1F1.BE.93.VI859
 H10.BE.87.ANT70
 H10.CM.91.MVP5180
 H10.CM.98.98CMA105
 H10.CM.98.98CMA197
 H10.SN.99.99CMA1299
 H10.US.99.99USTWLA
 H1N.CM.02.DJ00131
 H1N.CM.04.04CM.1015.04
 H1N.CM.04.04CM.1131.03
 H1N.CM.05.YBF30
 H1P.CM.06.U14788
 CPZ.CD.06.BF1167
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.LB715
 CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzHB897
 CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
 CPZ.TZ.88.TAN1
 CPZ.TZ.86.SIVcpzTAN13
 CPZ.TZ.09.UG38
 CPZ.US.85.US.Marilyn
 GOR.CM.04.SIVgorCP684con
 GOR.CM.07.SIVgorP2139.287
 GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
 GOR.CM.12.SIVgorBPID1
 GOR.CM.12.SIVgorBO1D2
 GOR.CM.13.SIVgorBPID15

MAC.US.x.239
 Vpx
 Vif
 H2A.DE.x.BEN
 H2A.PT.x.ALI
 H2A.SN.86.ST.JSP4.27
 H2B.CI.x.EH0
 H2B.GH.86.D205.ALT
 H2C.CI.92.Abt196
 COL.CM.x.GG01
 COL.UG.10.BWC01
 COL.UG.10.BWC07
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 DRP.DE.11.D4
 DRL.DE.11.D4
 GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN71
 LST.CD.88.SIVLhoest485
 LST.CD.88.SIVLhoest524
 LST.KE.x.lho7
 MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
 MND.1.GA.x.MNDGB1
 MND.2.CM.x.M16
 MND.2.GA.x.M14
 MND.2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNE027
 MON.CM.99.L1.99CML1
 MUS.1.CM.01.CM1239
 MUS.2.CM.01.CM1246
 MUS.3.GA.09.09gab0181
 OLC.CI.97.97C112
 RCM.CM.00.SIVag1.00CM312
 RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
 RCM.GA.x.SIVCMGAB1
 SAB.SN.x.SAB1
 SMM.CI.79.SIVsmC12
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.96.FT0
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
 SMM.US.86.CFU212
 SMM.US.x.H9
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAN.UG.x.SIVagmTAN1
 VER.KE.x.AGM155
 VER.ZA.10.VSAG004
 VER.ZA.10.VSAG1003
 VER.ZA.10.VSAM0022
 WRC.CI.98.98CI04
 WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

H1B_FR.83.HXB2	5558
Vif	5004
H1A1.UG.85.U455.U455A	4950
H1C.ET.86.ETH2220	4898
H1F1.DE.93.VI850	5613
H10.BE.87.ANT78	5587
H10.CM.91.MVP5180	5044
H10.CM.98.98CMA105	4995
H10.CM.98.98CMA197	5211
H10.SN.99.99SC.MP1299	5041
H10.US.99.99USTWLA	5064
H1N.CM.02.DJ00131	5063
H1N.CM.04.04CM.1015.04	5062
H1N.CM.04.04CM.1131.03	5152
H1N.CM.05.YBF38	5029
H1P.CM.06.V14788	5675
CPZ.CO.06.BF1167	5015
CPZ.CO.90.ANT	5141
CPZ.CO.01.SIVcpzCAM13	5579
CPZ.CO.05.LB715	5144
CPZ.CO.05.SIVcpzDP943	5130
CPZ.CO.05.SIVcpzEK505	5113
CPZ.CO.05.SIVcpzLB7	5104
CPZ.CO.05.SIVcpzMB66	5124
CPZ.CO.05.SIVcpzMB897	4951
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	5220
CPZ.TZ.08.TAN1	5214
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	5194
CPZ.TZ.09.UG38	5618
CPZ.US.85.US.Marilyn	5144
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	5095
GOR.CM.07.SIVgorCP2139.287	5094
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	4906
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1	5028
GOR.CM.12.SIVgor.BQID2	4899
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15	4899
Vif end		
MAC.US.x.x.239	AACAGTGGAGAAGAGCAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAACAGAACAGTATAGAGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCCTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAA	6014
Vpx	N S G E E T I G E A F E W L N R T V E E I N R E A V N H L P R E L I F O W Q R S W E Y W H D E Q G M S P S Y V K	
Vif	K Q W R R D N R R G L R M A K Q N S R G T D K Q R G G K P T K G A N F P G L A K V L G I L A	
H2A.DE.x.BEN	AACAGTGGAGAAGAGCAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAACAGAACAGTATAGAGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCCTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAA	6100
H2A.PT.x.ALI	AACAGTGGAGAAGAGCAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAACAGAACAGTATAGAGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCCTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAA	6093
H2A.SN.86.ST.JSP4.27	AACAGTGGAGAAGAGCAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAACAGAACAGTATAGAGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCCTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAA	5545
H2B.CI.x.EH0	AACAGCGGCGAAGAAACAGTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAAGAAACAACATTAGAACATCTCAACAGAGATAGCAGTCAATCACTTCCCGAGGAACTTAATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGATATGGCGTAGGAAACAGGGCATGCAATTAGTTATACCAA	6074
H2B.GH.86.D205.ALT	AACAGCGGCGAAGAAACAGTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAAGAAACAACATTAGAACATCTCAACAGAGATAGCAGTCAATCACTTCCCGAGGAACTTAATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGATATGGCGTAGGAAACAGGGCATGCAATTAGTTATACCAA	6076
H2C.CI.92.Abt19c	AACAGCGGCGAAGAAACAGTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAAGAAACAACATTAGAACATCTCAACAGAGATAGCAGTCAATCACTTCCCGAGGAACTTAATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGATATGGCGTAGGAAACAGGGCATGCAATTAGTTATACCAA	5427
H2U.CI.07.071C.TNP3	AACAGCGGCGAAGAAACAGTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAAGAAACAACATTAGAACATCTCAACAGAGATAGCAGTCAATCACTTCCCGAGGAACTTAATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGATATGGCGTAGGAAACAGGGCATGCAATTAGTTATACCAA	4971
H2U.FR.96.L2834	AACAGCGGCGAAGAAACAGTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAAGAAACAACATTAGAACATCTCAACAGAGATAGCAGTCAATCACTTCCCGAGGAACTTAATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGATATGGCGTAGGAAACAGGGCATGCAATTAGTTATACCAA	5575
ASC.UG.10.RT03	4993
ASC.UG.10.RT08	5017
ASC.UG.10.RT11	5002
COL.CM.x.G01	5257
COL.UG.10.BWC01	5056
COL.UG.10.BWC07	5290
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	5508
DEB.CM.99.CM40	5327
DEB.CM.99.CM5	5327
DRL.DE.11.D4	5191
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	GGAGCAGGAGAG.....GTAGAGTTAGAAGAGTGGCTGCAGAGGAGTCTCTTAAGAATCAACAGGAGGCTCGATTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGTCCTTGGAAACACCTGCATGGAGCACACCTACCATGATGCTCTTCACTTATCTTTCACTTATAGCAA	5198
GSN.CM.99.CN166	GGAGCAGGAGAG.....GTAGAGTTAGAAGAGTGGCTACAAGAGGCTCTCTTGAAGAATCAACAGGAGGCGAGTTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGTCCTTGGAAACACCTGCATGGAGCACACCTACCATGATGCTCTACAGTATCTTTCACTTATAGCAA	5199
GSN.CM.99.CN71	5682
LST.CD.88.SIVLhoest485	5336
LST.CD.88.SIVLhoest524	5318
LST.KE.x.lho7	4777
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	5858
MND-1.GA.x.MNDGB1	5723
MND-2.CM.98.CM16	GGAGCAGGAGAG.....GTGGATCTAAATACCTGGTTGGAAAGATCTCTGGAGAAAATCAATCAGGAGGCAAGATTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGTCCTTGGAAACACCTGCATGAGAACACTTGGCATGACAGACATCAGAGAAGCTTAAAGCTATGCCAAA	5226
MND-2.GA.x.M14	GGAGCAGGAGAG.....GTGGACTAGAACAAGTGGCTGGAAAGATCATTGGAAACAAGTGAACAGAGGCTCAATTAACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGTCCTTGGAAACACCTGCATGAGAACACTTGGCATGATGAGACTTAGAAGAAGCTTAAATATAGCCAAA	5710
MND-2.x.x.5440	GGAGCAGGAGAG.....GTAGGACTGGAGCAATGGCTGGAAAGCTCACTGGAGAGAAATCAACCGGAGGCGGGTTACACTTCCACCAGAGTTCTCTTCCGTCCTTGGAAACACCTGCATGAGAACACTTGGCATGATGAGACATCAGAGACTCTTGAATAGCCAAA	5273
MNE.US.x.MNE027	AACAGTGGAGAAGAGCAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTAAACAGAACAGTATAGAGAGATAAACAGAGAGGCGGTAACACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCCTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAA	5482
MON.CM.99.L1.99CM1	5389
MUS-1.CM.01.CM1239	5314
MUS-2.CM.01.CM1246	8431
MUS-3.GA.09.09Gab0181	4861
OLC.CI.97.97CI12	5359
RCM.CM.00.SIVag1.00CM312	CCCAGTGGGGCGGGGAAGTAGAGTTTCAACATGGTTGGCCAGAATTTGTACGAGATCAACCAAGAAGCC.....AGATTACACTTCCCTGGAGAGTTCATTTTCCATCTGTGGCGTACTCTGTGGAAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGAACTCAGAATATGCTGG	5004
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081	CCCAGTGGGGCGGGGAAGTAGAGTTTCAACATGGTTGGCCAGAATTTGTACGAGATCAACCAAGAAGCC.....AGTTACACTTCCATCCAGAGTTCATTTTCCGTCCTGGCGTACTTGTGGAAACACTGGCATGATGAGTTAGGAAGATCATTAGAATATGCTGG	5022
RCM.GA.x.SIVRCMGA1	CCCAGTGGGGCGGGGAAGTAGAGTTTCAACATGGTTGGCCAGAATTTGTACGAGATCAACCAAGAAGCC.....AGTTACACTTCCATCCAGAGTTCATTTTCCGTCCTGGCGCAGCTTGTGGAAACACTGGCATGATGAGACTCAGAGAAGTTAGAATATGCTGG	5203
SAB.SN.x.SAB1	5910
SHM.CI.79.SIVSHM12	ACCAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5140
SHM.SL.92.SIVSL92A	AACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5091
SHM.SL.92.SL92B	AACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5451
SHM.US.06.FT0	AACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5026
SHM.US.11.SIVSHME660_FL8	AACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	6004
SHM.US.86.CFU212	AACAGTGGGGAAGAAACAATAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5260
SHM.US.x.H9	AACAGTGGGGAAGAAACRRTAGGAGAGGCCTTGAATGGCTTACAGCAAGTGGAGGAGTAAACAAACATCTGCCAGGAGGCTGATTTCCAGGTTGCGCAAAGGTCCTGGGAATTTGGCATGATGAACAAGGAAAGTTCAGCAAGCTTACACTCA	5487
SUN.GA.98.L14	5908
SVK.KE.x.KE51	5358
SVK.KE.x.SVK173_COMGNM	5700
TAL.CM.00.266	5517
TAL.CM.01.8023	5015
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	5711
VER.KE.x.AGM155	5740
VER.ZA.10.VSAG004	5238
VER.ZA.10.VSAG1003	5234
VER.ZA.10.VSAM0022	5241
WRC.CI.98.98CI04	5841
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02	4758

H1B.FR.83.HXB2
Vif
Vpr
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H10.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA185
H10.CM.98.98TMB197
H10.SN.99.99SE.MP1299
H10.US.99.99USTWLA
H1N.CM.02.DJ00131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04C9.1131.03
H1N.CM.05.YBF39
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.00.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.U1Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15

MAC.US.x.239
Vpx
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2B.GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.AB99
H2U.CI.07.07IC.TMP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT03
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.09.CM40
DEB.CM.09.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1
GSN.CM.09.CN166
GSN.CM.09.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MND6B1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE627
MON.CM.09.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.09.09gab0181
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.09.SIVag1.09CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.11.SIVsmE660_FLB
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KES14
SYK.KE.x.SYK173_CONGMN
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AG1155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAC1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

Table with columns for sequence alignment, Vpr start, Vpx end, and Vpr start. It contains multiple rows of sequence data and alignment scores for various HIV-1 strains.

H18. FR. 83. HXB2 Vpr (frameshifted) H1A1.UG.85.U455.U455A H1C.ET.86.ETH2220 H1F1.BE.93.V1850 H10.BE.87.ANT70 H10.CM.91.MVP5180 H10.CM.98.98CMA185 H10.CM.98.98CMA185 H10.SN.99.99SE.MP1299 H10.US.99.99USTWLA H1N.CM.02.DJ00131 H1N.CM.04.04CM.1015.04 H1N.CM.04.04CM.1131.03 H1N.CM.95.YBF38 H1P.CM.06.U14788 CPZ.CD.06.BF1167 CPZ.CD.90.ANT CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 CPZ.CM.05.SIVcpzDP943 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 CPZ.CM.05.SIVcpzHB86 CPZ.CM.05.SIVcpzHB97 CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2 CPZ.TZ.00.TAN1 CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13 CPZ.TZ.99.UG38 CPZ.US.85.U101.Marilyn GOR.CM.04.SIVgorCP884c GOR.CM.07.SIVgor2139.287 GOR.CM.07.SIVgorCP2135con GOR.CM.12.SIVgorBPID1 GOR.CM.12.SIVgorBPID2 GOR.CM.13.SIVgorBPID15

MALC.US.x.239 Vpr Tat exon 1 start H2A.DE.x.BEN H2A.PT.x.ALI H2A.SN.86.ST.JSP4_27 H2B.CI.x.EH0 H2B.GH.86.D205.ALT H2C.CI.92.ABY96 H2U.CI.07.071C.TMP3 H2U.FR.96.12034 ASC.UG.10.RT03 ASC.UG.10.RT08 ASC.UG.10.RT11 COL.CM.x.CGU1 COL.UG.10.BWC01 COL.UG.10.BWC02 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061 DEB.CM.09.CH40 DEB.CM.09.CH49 DRL.DE.11.D3 DRL.DE.11.D4 GRV.ET.x.GRI.677.gri_1 GSN.CM.99.CN166 GSN.CM.99.CN71 LST.CD.88.SIVlhoest485 LST.CD.88.SIVlhoest524 LST.KE.x.lho7 MAL.ZM.09.SIVagMAL_ZMB MND.1.GA.x.MND6B1 MND.2.CM.98.CM16 MND.2.GA.x.M14 MND.2.x.x.5440 MNE.US.x.MNE027 MON.CM.99.L1.99CML1 MUS.1.CM.01.CM1239 MUS.2.CM.01.CM1246 MUS.3.GA.09.09GAB0181 OLC.CI.97.97C112 RCM.CM.09.SIVag1_09C312 RCM.CM.92.SIVag1_09C312 RCM.CM.92.SIVag1_09C312 SAB.SN.x.SAB1 SAMM.CI.79.SIVsmCI2 SAMM.SL.92.SIVsmSL92A SAMM.SL.92.SIVsmSL92B SAMM.US.06.SIVsmUS06 SAMM.US.11.SIVsmE660_FLB SAMM.US.86.CFU212 SAMM.US.x.H9 SUN.GA.98.L14 SYK.KE.x.K51 SYK.KE.x.SYK173_COMGNM TAL.CM.00.266 TAL.CM.01.8023 TAN.UG.x.SIVagTAN1 VER.KE.x.AG1155 VER.ZA.10.VSAC4004 VER.ZA.10.VSAG1003 VER.ZA.10.VSAG0022 WRC.CI.98.98C104 WRC.GM.05.Pbt.05GM.X02

Draft of 25 June 2018, not for public release

phvtdna_main.tex 11/0514-12210

HIV Sequence Compendium 2018

Rev exon 1 start

Genomic alignment for Rev exon 1 start. Shows reference sequence (top) and multiple alignments from various sources (left) with indels and gaps indicated by dashes.

Rev exon 1 start

Genomic alignment for Rev exon 1 start. Shows reference sequence (top) and multiple alignments from various sources (left) with indels and gaps indicated by dashes.

Source list for Rev exon 1 start alignment, including H18.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455.U455A, H1E1.86.ETH1220, H1F1.BE.93.VI850, etc.

Source list for Rev exon 1 start alignment, including MAC.US.x.239, H2A.DE.x.BEN, H2A.PT.x.ALI, H2A.SN.86.ST.J5P4.27, etc.

Table with columns for sample ID (e.g., H1B, FR, 83, HXB2), sequence alignment, and position (6236). Includes sequence headers like 'AGGAAAATATTAAGACAA' and 'ATGAGAGTGAAG'.

Table with columns for sample ID (e.g., MAC, US, x, 239), sequence alignment, and position (6615). Includes sequence headers like 'G - TGCTCT' and 'GAGCTGGT'.

Draft of 25 June 2018, not for public release
plvhdna_main.tex r1f0514-12210

Table with columns for accession numbers (e.g., H18.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455) and sequence alignments for the V1 loop start region. The table shows conserved regions across various HIV strains.

Table with columns for accession numbers (e.g., MAC.US.x.239, H2A.PT.x.AL1) and sequence alignments for the V1 loop start region. This section continues the list of HIV strains and their corresponding sequence alignments.

V2 loop end

```

H18.FR.83.HXB2
Env
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F.93.VI85
H1O.BE.87.ANT78
H1O.CM.91.MVP5180
H1O.CM.98.98CMA105
H1O.CM.98.98CMA105
H1O.SI.99.98G5.MF1299
H1O.US.99.99U5T1WLA
H1N.CM.02.DJ00131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.05.YMC30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CO.06.BF1167
CPZ.CO.90.ANT
CPZ.CO.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CO.05.LB715
CPZ.CO.05.SIVcpzDP943
CPZ.CO.05.SIVcpzEK505
CPZ.CO.05.SIVcpzLB7
CPZ.CO.05.SIVcpzMB66
CPZ.CO.05.SIVcpzMB897
CPZ.CO.98.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.08.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684com
GOR.CM.07.SIVgorCP2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135com
GOR.CM.12.SIVgorBPID1
GOR.CM.12.SIVgorBPID2
GOR.CM.13.SIVgorBPID15

```

V2 loop end

```

MAC.US.x.239
Env
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.AL1
H2A.SN.86.ST.JSP4.27
H2B.CI.x.EHO
H2B.GH.86.D295.ALT
H2C.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.R183
ASC.UG.10.R188
ASC.UG.10.R181
COL.CM.x.CG11
COL.UG.10.BM01
COL.UG.10.BM07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CO.88.SIVlhoest485
LST.CO.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL.ZMB
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.1.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.99.09GAB0181
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVagi.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1
SMM.CI.99.SA0A
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.96.F10
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8
SMM.US.96.FU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SYL.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.2661
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4804
VER.ZA.10.VSAG1983
VER.ZA.10.VSAG0022
WRC.CI.98.98C104
WRC.CM.95.Pbt.05GM.X02

```


H1B_FR.83.HXB2
Env
H1A1_UG.85.U455_U455A
H1C_ET.86.ETH2220
H1F_UG.93.VI85
H1O_BE.87.ANT79
H1O_CM.91.MVP5180
H1O_CM.98.98CMA197
H1O_CM.99.99U1299
H1O_US.99.99U5T1WLA
H1N_CM.02.DJ00131
H1N_CM.04.04CM_1015_04
H1N_CM.04.04CM_1131_03
H1N_CM.05.YBF38
H1P_CM.06.U14788
CPZ_CD.06.BF1167
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ_CM.05.LB715
CPZ_CM.05.SIVcpzDP943
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66
CPZ_CM.05.SIVcpzHB897
CPZ_CM.05.SIVcpzGAB2
CPZ_TZ.08.TAN1
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ_TZ.09.UG38
CPZ_US.85.US_Marilyn
GOR_CM.04.SIVgorCP684con
GOR_CM.07.SIVgorP2139_287
GOR_CM.07.SIVgorCP2135con
GOR_CM.12.SIVgor_BP1D1
GOR_CM.12.SIVgor_BP1D2
GOR_CM.13.SIVgor_BP1D15

V3 loop start
TGTCACAAAGCCCAACAACTACAAGAAAAAGTAATCGTATCCAGAGAGACAGCGGAGAGACATTTGTT.....ACAATAGGAAA...ATAGAAAATGAGACAAAGCACATTGTAACATTTAGTAGAGCAAATGAATAACACTTTTAAACAGATAGCTAG 7264

V3 loop end

MAC_US.x.239
Env
H2A_DE.x.BEN
H2A_PT.x.AL1
H2A_SN.86.T1JSP4_27
H2B_CX.x.EHO
H2B_HG.86.D205_ALT
H2C_CI.92.Abt96
H2U_CJ.07.071C_TNP3
H2U_FR.96.12034
ASC_UG.10.RT83
ASC_UG.10.RT88
ASC_UG.10.RT11
COL_CM.x.CG1
COL_UG.18.BM01
COL_UG.04.BWC87
DEB_CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB_CM.99.CM40
DEB_CM.99.CM5
DRD_DE.11.D3
DRD_DE.11.D4
GRV_ET.x.GRI_677_gri_1
GSN_CM.99.CN166
GSN_CM.99.CN71
LST_CD.88.SIVlhoest485
LST_CD.88.SIVlhoest524
LST_KE.x.lho7
MAL_ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND_1.GA.x.MNDB1
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE_US.x.MNE027
MON_CM.99.L1_99CML1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_3.CM.09.099gab0181
OLC_CI.97.97C12
RCM_CM.00.SIVagi_00C312
RCM_CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM_GA.x.SIVrcmGAB1
SAM_ZM.09.SIVzsmSAM_ZMB
SHM_CI.79.SIVsmC12
SHM_SL.92.SIVsmSL92A
SHM_SL.92.SL92B
SHM_US.06.F10
SHM_US.11.SIVsmE660_FL8
SHM_US.98.FU212
SHM_US.x.H9
SUN_GA.98.L14
SYK_KE.x.KE51
SYK_KE.x.SYK173_COMGNM
TAL_CM.09.2661
TAL_CM.01.8023
TAN_UG.x.SIVagmTAN1
VER_KE.x.AGM155
VER_ZA.18.VSAC4804
VER_ZA.18.VSAG1983
VER_ZA.18.VSAM0022
WRC_CI.98.98CI04
WRC_CM.05.Pbt_05GM_X02

V3 loop start

V3 loop end

Antisense Protein end
V4 loop start

H18. FR. 83. HXB2
Env
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F.1E.93.VI85
H10.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA197
H10.SN.99.99SFP1299
H10.US.99.99U57W1A
H1N.CM.02.DJ00131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.05.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.98.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.08.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgorP2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15

V4 loop start

MAC.US.x.239
Env
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.AL1
H2A.SN.86.SIT1.JSP4.27
H2B.CI.x.EHO
H2B.GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.R183
ASC.UG.10.R108
ASC.UG.10.R111
COL.CM.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DR1.DE.11.D3
DR1.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN171
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL.ZMB
MMD.1.GA.x.MNDGB1
MMD.2.CM.98.CM16
MMD.2.GA.x.M14
MMD.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.1.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.99.099gab0181
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVagi.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGB1
SMM.SI.x.SA91
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SVK.KE.x.KE51
SVK.KE.x.SVK173.COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4084
VER.ZA.10.VSAG1903
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.PB05M.X02

	Env gp120 end Env gp41 start		
H1B. FR. B3. HXB2	GAGTGGTGCAG.....AGAAAAAAGGACAGTG.....GGAATAGGAGCTTTGTCTTCCTGGTGTCTTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGCGCAGCCTCAATGACCTGACGGTACAGGCAGACAAATTTATGCTGGTATAGTGCAGCAG	R V V Q.....R E K R A V.....G I G A L F L G F L G A G A G S T M G A A S M T L T V Q A R O L L S G I V Q Q	7307 7308 7309 7310 7311 7312 7313 7314 7315 7316 7317 7318 7319 7320 7321 7322 7323 7324 7325 7326 7327 7328 7329 7330 7331 7332 7333 7334 7335 7336 7337 7338 7339 7340 7341 7342 7343 7344 7345 7346 7347 7348 7349 7350 7351 7352 7353 7354 7355 7356 7357 7358 7359 7360 7361 7362 7363 7364 7365 7366 7367 7368 7369 7370 7371 7372 7373 7374 7375 7376 7377 7378 7379 7380 7381 7382 7383 7384 7385 7386 7387 7388 7389 7390 7391 7392 7393 7394 7395 7396 7397 7398 7399 7400
MAC.US.x.239	ACACTACTGGTGGC.....ACCTCA-A-T-GG-C-TTT-TGC-G.....T-G-T-TC-C-A-A-G-TTCTG-A-G-G-GT-T-C-CT-T-C-ACT-G-G-G-A	Y T T G G.....T S R N K R G V.....F V L V G.....F L G F L L A T A G S A M G A G A S L T L T A Q S R T L L A G I V Q Q	8295 8300 8305 8310 8315 8320 8325 8330 8335 8340 8345 8350 8355 8360 8365 8370 8375 8380 8385 8390 8395 8400 8405 8410 8415 8420 8425 8430 8435 8440 8445 8450 8455 8460 8465 8470 8475 8480 8485 8490 8495 8500 8505 8510 8515 8520 8525 8530 8535 8540 8545 8550 8555 8560 8565 8570 8575 8580 8585 8590 8595 8600 8605 8610 8615 8620 8625 8630 8635 8640 8645 8650 8655 8660 8665 8670 8675 8680 8685 8690 8695 8700 8705 8710 8715 8720 8725 8730 8735 8740 8745 8750 8755 8760 8765 8770 8775 8780 8785 8790 8795 8800 8805 8810 8815 8820 8825 8830 8835 8840 8845 8850 8855 8860 8865 8870 8875 8880 8885 8890 8895 8900 8905 8910 8915 8920 8925 8930 8935 8940 8945 8950 8955 8960 8965 8970 8975 8980 8985 8990 8995 9000 9005 9010 9015 9020 9025 9030 9035 9040 9045 9050 9055 9060 9065 9070 9075 9080 9085 9090 9095 9100 9105 9110 9115 9120 9125 9130 9135 9140 9145 9150 9155 9160 9165 9170 9175 9180 9185 9190 9195 9200 9205 9210 9215 9220 9225 9230 9235 9240 9245 9250 9255 9260 9265 9270 9275 9280 9285 9290 9295 9300 9305 9310 9315 9320 9325 9330 9335 9340 9345 9350 9355 9360 9365 9370 9375 9380 9385 9390 9395 9400 9405 9410 9415 9420 9425 9430 9435 9440 9445 9450 9455 9460 9465 9470 9475 9480 9485 9490 9495 9500 9505 9510 9515 9520 9525 9530 9535 9540 9545 9550 9555 9560 9565 9570 9575 9580 9585 9590 9595 9600 9605 9610 9615 9620 9625 9630 9635 9640 9645 9650 9655 9660 9665 9670 9675 9680 9685 9690 9695 9700 9705 9710 9715 9720 9725 9730 9735 9740 9745 9750 9755 9760 9765 9770 9775 9780 9785 9790 9795 9800 9805 9810 9815 9820 9825 9830 9835 9840 9845 9850 9855 9860 9865 9870 9875 9880 9885 9890 9895 9900 9905 9910 9915 9920 9925 9930 9935 9940 9945 9950 9955 9960 9965 9970 9975 9980 9985 9990 9995 10000

Antisense Protein start

Table of PLV genome alignments. Columns include accession numbers (e.g., H1B_FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455.U455A), sequence coordinates (e.g., 1-8044), and the corresponding nucleotide sequence. The sequence is shown in a compact format with dashes representing gaps and letters representing nucleotides.

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B, H1A1, H1C), sequence alignments, and accession numbers (e.g., 8175, 7605, 7551). Includes RRE end markers.

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC, H2A, H2B), sequence alignments, and accession numbers (e.g., 8581, 8636, 8620). Includes RRE end markers.

Env gp41 transmembrane domain

Multiple sequence alignment of Env gp41 transmembrane domain from various HIV-1 strains. The alignment shows conserved regions across different clades, with positions 8342 to 8745 indicated at the top. The sequences are presented in a standard format with gaps represented by dashes.

	Tat Rev intron end_Tat Rev exon 2 start		Tat premature stop in HXB2		Tat end	
H18_FR.83.HXB2	AGAGTTAGGCAGGGATATTCACCAATATGCTTTTCAAGCCACCTCCCAACC	CCGAGGGGACCCGACAGCCGCGAAGGAATAGAAGAAGAGGTGGAGAGAGACAGAGAC	AGATCCATTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCCAT	8488
Rev exon 2	N P P P N		P E G D P T Q A R R N R R R R R R R R R R Q I H S I S E R I L G T			
Tat exon 2	R V R Q G Y S P L S F O T F L P T	P R G D P T Q A R R N R R R R R R R R R R Q I H S I S E R I L G T	D P S F D S V N G S L A L T	
Env
H11.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.V1850
H10.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.S19CM195
H10.CM.98.98CMAB197
H10.SN.99.995E.MP1299
H10.US.99.99USTWLA
H1N.CM.02.DJ00131
H1N.CM.04.04CM.1615.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.00.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
ASC.UG.10.R103
ASC.UG.10.U638
CPZ.US.93.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15
MAC.US.x.239
Env
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.S1 JSP4.27
H2B.CI.x.H023
H2B.GH.86.D295.ALT
H2G.CI.92.Abt196
H2U.CI.07.07IC.TNP3
FR.96.12034
ASC.UG.10.R103
ASC.UG.10.R108
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.T196b04CMFP3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
QV.CI.x.H07.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN171
LST.CD.88.SIVhoest485
LST.CD.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.99.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MNDG81
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE927
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.CM.09.09gab0181
RCM.CM.02.SIVagm02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGA1
SAB.SN.x.SAB1
SMH.CI.79.SIVsmC12
SMH.CI.91.91C12
SMH.SL.92.SL92B
SMH.US.06.F1Q
SMH.US.11.SIVsmE660.FL8
SMH.US.86.CFU212
SMH.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.W164
WRC.CM.05.Pbt_05GM.102

H18_FR.83_HXB2
Rev exon 2
Env
H1A1_U85_U455_U455A
H1C_FT_86_ETH2220
H1F1_BE_93_VI850
H10_BE_87_ANT70
H10_CM_91_MVP5180
H10_CM_98_98CMA185
H10_CM_98_98CMA185B197
H10_CN_99_99295E
H10_US_99_99USTWLA
H1N_CM_02_DJ00131
H1N_CM_04_04CM_1015_04
H1N_CM_04_04C39_1131_03
H1N_CM_95_YBF39
H1P_CM_06_U14788
CPZ_CD_06_BF1167
CPZ_CD_90_ANT
CPZ_CM_01_SIVcpzCAM13
CPZ_CM_05_SIVcpzDP943
CPZ_CM_05_SIVcpzEK505
CPZ_CM_05_SIVcpzLB7
CPZ_CM_05_SIVcpzHB86
CPZ_CM_05_SIVcpzHB897
CPZ_GA_88_SIVcpzGAB2
CPZ_TZ_00_TAN1
CPZ_TZ_06_SIVcpzTAN13
CPZ_TZ_89_UG38
CPZ_US_85_U197_Marilyn
GOR_CM_07_SIVgorCP884con
GOR_CM_07_SIVgorCP2139_287
GOR_CM_12_SIVgor_BP1D1
GOR_CM_12_SIVgor_BP1D2
GOR_CM_13_SIVgor_BP1D5

MAC_US_x_239
Rev exon 2
H2A_DE_x_BEN
H2A_PT_x_ALI
H2A_SN_86_ST_JSP4_27
H2B_C1_x_EH0
H2B_HG_86_D205_ALT
H2C_K1_92_AbY96
H2U_C1_07_07IC TMP3
H2U_FR_96_12034
ASC_UG_10_RT03
ASC_UG_10_RT08
ASC_UG_10_RT11
COL_CM_x_CGU1
COL_UG_10_BW01
COL_UG_10_BW07
DEB_CM_04_SIVdeb04CMPF3061
DEB_CM_09_C140
DEB_CM_09_C141
DRL_DE_11_D3
DRL_DE_11_D4
GRV_ET_x_GRI_677_gri_1
GSN_CM_09_C1166
GSN_CM_09_C171
LST_CD_88_SIVlh0est485
LST_CD_88_SIVlh0est524
LST_KE_x_lh07
MAL_ZM_09_SIVagmMAL_ZMB
MND_1_GA_x_MND031
MND_2_CM_08_C1M16
MND_2_GA_x_M14
MND_2_x_x_5440
MNE_US_x_MNE027
MON_CN_99_L1_99CML1
MUS_1_CM_01_C1M239
MUS_2_CM_01_C1M246
MUS_3_GA_09_09gab0181
OLC_C1_97_97C112
RCM_CM_09_SIVag1_09CM312
RCM_CM_02_SIVag1_02CM0801
RCM_GA_x_SIVRCMGA1
SAB_SN_x_SAB1
SMM_C1_79_SIVsmC12
SMM_SL_92_SIVsmL92A
SMM_SL_92_S192B
SMM_US_06_SIVsmE660_FLB
SMM_US_86_CFU212
SMM_US_x_H9
SUN_GA_98_LYK14
SYK_KE_x_KE51
SYK_KE_x_S17173_CONGMN
TAL_CM_00_266
TAL_CM_01_8023
TAN_UG_x_SIVagmTAN1
VER_KE_x_AGI155
VER_ZA_10_VSA4004
VER_ZA_10_VSA61003
VER_ZA_10_VSA0022
WRC_C1_98_P8C104
WRC_GM_05_Pb05GM_X02

PLV Complete Genomes

Alignments

Env gp41, gp160 end

Nef start

Table showing sequence alignments for Env gp41, gp160 end and Nef start. Includes headers like H1B, FR, 83, HXB2 and Nef, and sequence blocks with positions 8316 to 8532.

Env gp41, gp160 end

Table showing sequence alignments for Env gp41, gp160 end. Includes headers like MAC, US, x, 239 and Nef, and sequence blocks with positions 9253 to 8555.

Table with multiple columns containing genomic coordinates, sequence alignments, and accession numbers. Includes sections for TCF-1 alpha binding and various species like H1A1, H1C, H1F, etc.

TCF-1 alpha binding Nef end		NF-k-B-II	
H1B.FR.83.HXB2	CTGA.....	CATCGAGTGTGTACAAA.....	GGGACTTCCCGCTG 9448
Nef	*		
H1A1.UG.85.U455.U455AAAGACTGCTGAG.....	CA-AG---GAC.....	A- 8907
H1C.ET.86.ETH2220	CA-AGA.....	C 8837
H1E.L.93.VI85AAAACTGCTGACCTG.....	TTGCTG-CAC-AGAA-CT-AA.....	A- 8746
H10.BE.87.ANT78	AA-TTGTGCACTGT.....	-A- AGCA 9552
H10.CM.91.MVP5180	CT-CAC.....	AG 9548
H10.CM.98.98CMA105	AA-TTGTGCACTGT.....	AGCA 9013
H10.CM.98.98CMA105	AA-TTGTGCACTGT.....	AGCA 8990
H10.SN.99.99S.MF1299	AA-TTGTGCACTGT.....	AGCA 902
H10.US.99.99USTWLA	AA-AGA-TGCTG-CAACGC.....	AG 9022
H1N.CM.02.DJ00131	8938
H1N.CM.04.04CM.1015.04	8926
H1N.CM.04.04CM.1131.03	8975
H1P.CM.05.YMF30	9024
H1P.CM.06.U14788	9238
CPZ.CO.06.BF1167	9657
CPZ.CO.90.ANT	9068
CPZ.CO.01.SIVcpzCAM13	9098
CPZ.CO.05.LB715	9633
CPZ.CO.05.SIVcpzDP943	9247
CPZ.CO.05.SIVcpzEK505	9841
CPZ.CO.05.SIVcpzLB7	8966
CPZ.CO.05.SIVcpzMB66	9091
CPZ.CO.05.SIVcpzHB897	9167
CPZ.CO.05.SIVcpzGAB2	9358
CPZ.TZ.08.TAN1	9145
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	9139
CPZ.TZ.09.UG38	9087
CPZ.US.85.US.Marilyn	9503
GOR.CO.04.SIVgorCP684con	9103
GOR.CO.07.SIVgorP2139.287	9065
GOR.CO.07.SIVgorCP2135con	9246
GOR.CO.12.SIVgor.BPID1	9029
GOR.CO.12.SIVgor.BOID2	9249
GOR.CO.13.SIVgor.BPID15	9012
Nef end		NF-k-B-II	
MAC.US.x.239	A-AGCA.....	A-AA 9889
Nef	*		
H2A.DE.x.BEN	GA-GCTGC.....	AGAA 9967
H2A.PT.x.AL1	A-CTGC.....	AGA 9063
H2A.SN.86.S1.J5P4.27	A-ACTGC.....	AGAA 9406
H2B.CI.x.EHO	TGATACTGC.....	AGAA 9858
H2B.GH.86.D295.ALT	AGACACTGC.....	AGAA 9887
H2C.CI.92.Abt96	AAAGTGC-CACAGCA.....	AG-A 9316
H2U.CI.07.071C.TNP3	AAACTAGCTGAGCTGACA.....	AGAA 9427
H2U.FR.96.12034	AAAGTGC-GACAGCA.....	AG-A 9417
ASC.UG.10.RT83	AG-T 8880
ASC.UG.10.RT08	AG-T 8904
ASC.UG.10.RT11	AG-T 8871
COL.CM.x.CGU1	T-C 8634
COL.UG.10.BWC01	CC 8474
COL.UG.10.BWC07	C-GCTGT 8673
DEB.CO.04.SIVdeb04CMPF3061	-T- 9228
DEB.CO.99.CM40	A- 9125
DEB.CO.99.CM5	-T- 9056
DRL.DE.11.D3	1101
DRL.DE.11.D4	9051
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	TG-CAGCACTTTGCGGTT.....	CA 9303
GSN.CO.99.CN166	A- 9282
GSN.CO.99.CN71	A- 9279
LST.CO.88.SIVLhoest485	CA-GCTAGCGCATGGCG.....	A- 8526
LST.CO.88.SIVLhoest524	CA-GCTAGCGCATGGCG.....	ACA-GC-G-TGAA 8529
LST.KE.x.lho7	GC-TGCTG-CGAGCA.....	-AGGA 9623
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	AC-GG-TTTCCAAGC.....	-AGG- 9495
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CO.99.L1.99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-3.GA.09.09gab0181
OLC.CI.97.97C112
RCM.CO.00.SIVagi_00CM312	GA-GAA-CTGCTAACAC-GAA.....	A- 8864
RCM.CO.02.SIVrcm_02CM8081	T-AGA-CTGCTGAGAC-GAA.....	A- 8937
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.06.FU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CO.00.266
TAL.CO.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4084
VER.ZA.10.VSAG1903
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
H1O.CM.98.98CMA105
H1O.CM.98.98CMA197
H1O.CM.98.98CMA197
H1O.SN.99.99SE.MP1299
H1O.US.99.99STWLA
H1N.CM.02.DJ08131
H1N.CM.04.04CM.1015_04
H1N.CM.04.04CM.1131_03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.00.AN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgorZ139_287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgorBPID1
GOR.CM.12.SIVgorBQID2
GOR.CM.13.SIVgorBPID15

MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2D.GH.86.D295.ALT
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.07IC.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT63
ASC.UG.10.RT68
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CG1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DIP.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVLhoest485
LST.CD.88.SIVLhoest524
LST.KE.x.Lho7
MAL.ZM.99.SIVagmMAL_ZMB
MND-1.GA.x.MND6B1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE627
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-3.GA.09.09gab0181
OLC.CI.97.07C12
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmCT2
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.114
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVtanTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0822
WRC.CI.98.98CT04
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

Table with 3 columns: Genomic coordinates (e.g., H1B.FR.83.HXB2), Nucleotide alignment (e.g., TTTGGC.CTGT..ACTGGG..TCTCTC..), and Reference sequence (e.g., TAA...CTAG...CTCTCTGGC...).

```

                    TAR element end                                 Poly-A signal                    3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start
H1B.FR.83.HXB2                                     .....GGAACCC.....ACTGCTTAA.....
H1A1.UG.85.U455.U455A                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9637
H1C.ET.86.ETH2220                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9097
H1F1.BE.93.V1850                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9031
H1O.BE.87.ANT70                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8903
H1O.CM.91.MVP5180                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9754
H1O.CM.98.98CMA105                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9195
H1O.CM.98.98CMA197                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9072
H1O.SN.99.99SE.MP1299                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9821
H1O.US.99.99STWLA                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9196
H1N.CM.02.DJ08131                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8938
H1N.CM.04.04CM.1015_04                               .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8926
H1N.CM.04.04CM.1131_03                               .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8975
H1N.CM.95.YBF30                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9182
H1P.CM.06.U14788                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9238
CPZ.CD.06.BF1167                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9068
CPZ.CD.90.ANT                                           .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9284
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9824
CPZ.CM.05.LB715                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9147
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9132
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9170
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7                                     .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9281
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9167
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9065
CPZ.CM.88.SIVcpzGAB2                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9096
CPZ.TZ.09.TAN1                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9322
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13                                  .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9283
CPZ.TZ.09.UG38                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9701
CPZ.US.85.US.Marilyn                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9143
GOR.CM.04.SIVgorCP684con                               .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9238
GOR.CM.07.SIVgorZ139.287                              .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9246
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con                             .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9029
GOR.CM.12.SIVgorBPID1                                  .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9241
GOR.CM.12.SIVgorBQID2                                  .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9012
GOR.CM.13.SIVgorBPID15                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9012

```

```

                    TAR element end                                 Poly-A signal                    3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start
MAC.US.x.239                                          .....TGACTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AG..C---TTC.....--AGA..A- TAAG-T..10160
H2A.DE.x.BEN                                           .....CGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AG..A---TTC.....--AG...-AGA..A-CAAGTT..10238
H2A.PT.x.ALI                                           .....CGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AG..A---TT.....--AA...-AGA..A-CAGGTT..10232
H2A.SN.86.ST.JSP4.27                                   .....CGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AG..A---TT.....--AG...-AGA..A-CA...9672
H2B.CI.x.EH0                                           .....CGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AA..C---TT.....--A...-TA...-AGA..A-CAAGAC..10127
H2B.GH.86.D295.ALT                                    .....CGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AA..C---TT.....--A...-TA...-AGA..A-CAAGT..10184
H2G.CI.92.Abt96                                        .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9599
H2U.CI.07.07IC.TNP3                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9540
H2U.FR.96.12034                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9607
ASC.UG.10.RT63                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8881
ASC.UG.10.RT68                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8905
ASC.UG.10.RT11                                        .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8874
COL.CM.x.CGU1                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8728
COL.UG.10.BWC01                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8688
COL.UG.10.BWC07                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8733
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061                            .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9265
DEB.CM.99.CM48                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9227
DEB.CM.99.CM5                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9158
DRL.DE.11.D3                                           .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9101
DRL.DE.11.D4                                           .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9051
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1                                 .....CT.....TTG....C-TAT.....AG.....C...C-TCCG...AGT..C-CTA-ATTG..9535
GSM.CM.99.CM166                                        .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..944
GSM.CM.99.CN71                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9410
LST.CD.88.SIVlhoest485                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8589
LST.CD.88.SIVlhoest524                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8594
LST.KE.x.lho7                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9864
MAL.ZM.09.SIVagMAL_ZMB                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9676
MND-1.GA.x.MND6B1                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9215
MND-2.CM.98.CM16                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9518
MND-2.GA.x.M14                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9529
MND-2.x.x.5440                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9543
MNE.US.x.MNE027                                        .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9636
MON.CM.99.L1.99CML1                                   .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9448
MUS-1.CM.01.CM1239                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9508
MUS-2.CM.01.CM1246                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9484
MUS-3.GA.09.09GAB0181                                  .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9317
OLC.CI.97.97C12                                       .....GGGCTTGCTG--G-G-GCTCTGG--GGGTCGTCGTTAGACCTTCACTGGGTACTTGCCAGTCCAGTGGGA..GTAGGCTCCACTTGCTTGACAGTAATTGT..TA...CTA-A...A-T-TTGAA--G--C..9199
RCM.CM.00.SIVag1.00CM312                                .....GGGCTTGCTG--G-GTACTTGTG--TGG.TCTGTGTAGACTTCACTGGGTACTTGCCAGTCCAGTGGGA..GTAGGCTCCGCTTGCTTGACAGTAATTGT..TA...CTA-A...A-T-TTGAA--G--C..9277
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081                              .....CAGGCTTGCTG--GTG--TCTCGCTCTCGGATGAGCCGCA..GTTAGGCTCGCCGGCTCAACGGGA..GAGATCACCCTTGCTTATAGCC..TTGA..AGCTC.....AGTCTAACAAG-A-.9964
RCM.GA.x.SIVRCMAG1                                      .....AGCACTCTGGT-AGG.T.....TTG-TAG-CCC...TCGCTGGCGACT.GGCCATTGCCAGTAGCA..G.AGACTCCGCTTGCTTGCTTGATT..T.....AGTTTACAAG-A-.9330
SAB.SN.x.SAB1                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9147
SMM.CI.79.SIVsmC12                                    .....GGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTGA.....TC.....G...AAC.....AGA..A-CAAGTC..9613
SMM.SL.92.SIVsmSL92A                                  .....TGGCTCCACGCT.GGCTTGC..TTAA.AG..A---TTC.....AT.....AGA..A-TAAG..10167
SMM.SL.92.SL92B                                       .....CTCTTCAATAAA-GCTG-CAGTT-GAAG-A...CAGCTCAGCCTAGT-A...GGGGAGTAGAGG...CTCTTGTCTTTGACGTACAAG..C-T.....C...AG...TTTACTGCA..9900
SMM.US.06.FTQ                                         .....CAGC-CA.....T.GTGGTAACGCAAG-A...ACGTC-GCT..9563
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8                              .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9338
SMM.US.86.CFU212                                       .....CTCTTCAATAAA-GCTG-CAGTT-GAAG-A...CAGCTCAGCCTAGT-A...GGGGAGTAGAGG...CTCTTGTCTTTGACGTACAAG..C-T.....C...AG...TTTACTGCA..9068
SMM.US.x.H9                                           .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9563
SUN.GA.98.L14                                          .....GA-CCT...TT...GAA...G-ATTGCT...T-GC-TGCTTAAGAGTCTATCTGAGCA-GT..9711
SYK.KE.x.KE51                                         .....CT...TTG---GAA.....AG...ATG...TG...CA-AGA..G.C-T-ATCTG..9704
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9049
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8998
TAL.CM.00.266                                          .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9022
TAL.CM.01.8023                                         .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9461
TAN.UG.x.SIVtanTAN1                                  .....CT...TTG---GAA.....AG...ATG...TG...CA-AGA..G.C-T-ATCTG..9704
VER.KE.x.AGM155                                        .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9049
VER.ZA.10.VSAC4004                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8998
VER.ZA.10.VSAG1003                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9022
VER.ZA.10.VSAM0922                                    .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9461
WRC.CI.98.98C104                                       .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..9012
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02                                .....GCTCT.....AATAAAG...CTTGCC.....TTGAG..TG.CTTCAA..8673
TGACCAAGCTT-CTTGTAGGGTGT-TGAG-T.....AG-CTTTTGCTTAGCA-AAGCGTG-GGTT

```

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455 U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H10.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA105
H10.SN.99.99SE.MP1299
H10.US.99.99STWLA
H1N.CM.02.DJ08131
H1N.CM.04.04CM.1015_04
H1N.CM.04.04CM.1131_03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.00.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139_287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BQID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15

MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2B.GH.86.D295.ALT
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.071C.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT63
ASC.UG.10.RT68
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRI.ET.x.GRI.677.gri_1
GSM.CM.99.CN166
GSM.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB
MND-1.GA.x.MND6B1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-3.GA.09.09GAB0181
OLC.CI.97.07C12
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmc12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.114
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVtanTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

GTAGTG...TGTGCCCGCTG.TG.TT..GTG.TGACTCT...GGT..AA.CTAGAGA.....TCCCTT..CAGA.....CCCTTTTAGTCAGTGTGGAAATCTCTAGCA.....
.....A-T.....-AC-A--A-T--A.....
TGT---CTCATCTGTTCAACCCCTGGTCTAGAGA.....
TGT---CTCATCTGTTGACCCTGGTATCTAGAGA.....
TGT---CCCATCT-ATTG-GC-CCGCCCTGG-GTAGAGATCCCTC-GATCTCT--AGGCTAAGCAAAAATCT-TAC..C-GGCCC
.....A-TCC.T--GT-CTCG.....TCC.....CTCAGATATCTTAG-C-GT-CGGTGCG-A.....
.....T-A-TG--C..A--A.....GT.....TCC.....CTCAGAC.TAAA.CATAA.G-A.....
.....TA--C--C..A.....TCC.....CTCAGAA..T--AA-A.GTA-GT.....

.....GT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGCC-CC.GCCTGG...CAAC.TCGG...CTCAATA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-AGCA.....C-----10279
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-TCTGA...GTAACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----10359
AAG---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-GCA.....C-----10353
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...TA.GAAA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCA-GCA.....C-----9672
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CAC.TCGG-GTTC-CCTG...ACT.GA.TAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-ABCG.....C-----10269
.....GT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGCC-CC.GCCTGG...CAAC.TCGG...CTCAATA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-AGCA.....C-----9540
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-TCTGA...GTAACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8881
AAG---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-GCA.....C-----8905
.....GT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGCC-CC.GCCTGG...CAAC.TCGG...CTCAATA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-AGCA.....C-----8874
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...TA.GAAA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCA-GCA.....C-----8733
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CAC.TCGG-GTTC-CCTG...ACT.GA.TAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-ABCG.....C-----9265
.....GT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGCC-CC.GCCTGG...CAAC.TCGG...CTCAATA...ATAAGAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-AGCA.....C-----9158
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9101
AAG---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAA-CCG-GCA.....C-----9051
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9253
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9414
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8589
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8594
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9057
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9215
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9518
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9529
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9647
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9064
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9448
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9508
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9484
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8678
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9333
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9415
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9438
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----10036
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9147
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9086
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9613
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9149
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----10287
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9130
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9638
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----10006
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9068
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9597
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9338
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8845
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9784
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9794
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9049
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8998
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9022
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----9461
AGT---TGT-CCCAT-TCT.CCTAGTC-CC.GCCTGG...CA..TCGG-GTTC-CCTG...AGT.AACAAGA-CCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTT.TGGGAATCA-GCA.....C-----8709

H1B.FR.83.HXB2	9719
H1A1.UG.85.U455 U455A	9178
H1C.ET.86.ETH2220	9031
H1F1.BE.93.VI850	8903
H1O.BE.87.ANT70	9754
H1O.CM.91.MVP5180	9792
H1O.CM.98.98CMA105	9195
H1O.CM.98.98CMA8197	9072
H1O.SN.99.99SE.MP1299	9858
H1O.US.99.99STWLA	9186
H1N.CM.02.DJ08131	8938
H1N.CM.04.04CM.1015_04	8926
H1N.CM.04.04CM.1131_03	8975
H1N.CM.95.YBF30	9182
H1P.CM.06.U14788	9238
CPZ.CD.06.BF1167	9927
CPZ.CD.90.ANT	9068
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	9284
CPZ.CM.05.LB715	9915
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	9243
CPZ.CM.05.SIVcpzEK305	9132
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	9170
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	9281
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	9167
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	9146
CPZ.TZ.00.TAN1	9206
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	9322
CPZ.TZ.09.UG38	9283
CPZ.US.85.US.Marilyn	9781
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	9143
GOR.CM.07.SIVgorZ139.287	9232
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	9246
GOR.CM.12.SIVgor_BP1D1	9029
GOR.CM.12.SIVgor_BQ1D2	9241
GOR.CM.13.SIVgor_BP1D5	9012
.....
MAC.US.x.239	10279
H2A.DE.x.BEN	10359
H2A.PT.x.ALI	10353
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	9672
H2B.CI.x.EH0	10242
H2B.GH.86.D205.ALT	10269
H2G.CI.92.Abt96	9599
H2U.CI.07.07IC.TNP3	9540
H2U.FR.96.12034	9607
ASC.UG.10.RT03	8881
ASC.UG.10.RT08	8905
ASC.UG.10.RT11	8874
COL.CM.x.CGU1	8728
COL.UG.10.BWC01	8688
COL.UG.10.BWC07	8733
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	9265
DEB.CM.99.CM40	9227
DEB.CM.99.CM5	9158
DRL.DE.11.D3	9101
DRL.DE.11.D4	9051
GSN.ET.x.GRI.677.gri_1	9623
GSN.CM.99.CN166	9414
GSN.CM.99.CN71	9410
LST.CD.88.SIVlhoest485	8589
LST.CD.88.SIVlhoest524	8594
LST.KE.x.lho7	9857
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	9676
MND-1.GA.x.MND6B1	9215
MND-2.CM.98.CM16	9518
MND-2.GA.x.M14	9529
MND-2.x.x.5440	9647
MNE.US.x.MNE027	9664
MON.CM.99.L1.99CML1	9448
MUS-1.CM.01.CM1239	9508
MUS-2.CM.01.CM1246	9484
MUS-3.GA.09.09Gab0181	9549
OLC.CI.97.07CI12	8678
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312	9503
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	9584
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	9465
SAB.SN.x.SAB1	10036
SMM.CI.79.SIVsmCI2	9147
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	9086
SMM.SL.92.SL92B	9613
SMM.US.06.FTq	9149
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	10287
SMM.US.86.CFU212	9130
SMM.US.x.H9	9638
SUN.GA.98.L14	10006
SYK.KE.x.KE51	9068
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	9597
TAL.CM.00.266	9338
TAL.CM.01.8023	8845
TAN.UG.x.SIVtanTAN1	9784
VER.KE.x.AGM155	9794
VER.ZA.10.VSAC4004	9049
VER.ZA.10.VSAG1003	8998
VER.ZA.10.VSAM0022	9022
WRC.CI.98.98CI104	9461
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	8709
.....
CTGACTGGTACTAAGTTGGATAAGTATGAAAAAGTGAGGCTCAAACCAAAAGGAAGAAAAA
GGAAACCTCCGACCGGGTCCGGACGCGAGGCGTTGTAACCGGGACCCAGTCCAGGTA. AGAGTAAG. CCTGGTGGCTTCATAAGTCTAGCAGAAAAAGGTTGCTAGGAAGGAAGCAAGGCAACCCGGTCAGGTA
CTGAGGCTCTAGGGCCTTAGGGAAAGGCTCGAAGTCTTAGAGAAG
GGAAACCTTGACGCGGGTCTGGACGCGAGGCGT. GGAACCGCAGACCCAGTCCAGGTAAGGAGTAACACCTGGTGGCTTCACAAGTCTAGCAGAAAAAGGTTGCTAGGAAGGAAGCAGGGCAACCCGGTCAGGTA
CTTG. .GGCTAAGAAAA. TTCCCTACCACT

H1B.FR.83.HXB2	9719
H1A1.UG.85.U455_U455A	9178
H1C.ET.86.ETH2220	9031
H1F1.BE.93.VI850	8903
H10.BE.87.ANT70	9754
H10.CM.91.MVP5180	9792
H10.CM.98.98CMA105	9195
H10.CM.98.98CMABB197	9072
H10.SN.99.99SE_MPI299	9858
H10.US.99.99USTWLA	9186
H1N.CM.02.DJ00131	8938
H1N.CM.04.04CM_1015_04	8926
H1N.CM.04.04CM_1131_03	8975
H1N.CM.95.YBF30	9182
H1P.CM.06.U14788	9238
CPZ.CD.06.BF1167	9927
CPZ.CD.90.ANT	9068
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	9284
CPZ.CM.05.LB715	9915
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	9247
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	9132
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	9170
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	9281
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	9167
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	9146
CPZ.TZ.00.TAN1	9326
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	9322
CPZ.TZ.09.UG38	9283
CPZ.US.85.US_Marilyn	9781
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	9143
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	9232
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	9246
GOR.CM.12.SIVgor_BPID1	9029
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2	9241
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15	9012
MAC.US.x.239	10279
H2A.DE.x.BEN	10359
H2A.PT.x.ALI	10353
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	9672
H2B.CI.x.EH0	10242
H2B.GH.86.D205_ALT	10269
H2G.CI.92.Abt96	9599
H2U.CI.07.07IC_TNP3	9540
H2U.FR.96.12034	9607
ASC.UG.10.RT03	8881
ASC.UG.10.RT08	8905
ASC.UG.10.RT11	8874
COL.CM.x.CGU1	8728
COL.UG.10.BWC01	8688
COL.UG.10.BWC07	8733
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	9265
DEB.CM.99.CM40	9227
DEB.CM.99.CM5	9158
DRL.DE.11.D3	9101
DRL.DE.11.D4	9051
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	9623
GSN.CM.99.CN166	9414
GSN.CM.99.CN71	9410
LST.CD.88.SIVlhoest485	8589
LST.CD.88.SIVlhoest524	8594
LST.KE.x.lho7	9957
MAL.ZM.09.SIVaomMAL_ZMB	9676
MND-1.GA.x.MND6B1	9215
MND-2.CM.98.CM16	9518
MND-2.GA.x.M14	9529
MND-2.x.x.5440	9647
MNE.US.x.MNE027	9664
MON.CM.99.L1_99CML1	9448
MUS-1.CM.01.CM1239	9508
MUS-2.CM.01.CM1246	9484
MUS-3.GA.09.09Gab0I81	9549
OLC.CI.97.97CI12	8678
RCM.CM.00.SIVraq1_00CM312	9511
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	9592
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	9465
SAB.SN.x.SAB1	10036
SMM.CI.79.SIVsmCI2	9147
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	9086
SMM.SL.92.SL92B	9613
SMM.US.06.FTq	9149
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	10287
SMM.US.86.CFU212	9130
SMM.US.x.H9	9638
SUN.GA.98.L14	10006
SYK.KE.x.KE51	9068
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	9597
TAL.CM.00.266	9338
TAL.CM.01.8023	8845
TAN.UG.x.SIVaomTAN1	9784
VER.KE.x.AGM155	9794
VER.ZA.10.VSAC4004	9049
VER.ZA.10.VSAG1003	8998
VER.ZA.10.VSAM0022	9022
WRC.CI.98.98CI04	9461
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	8709
H2B.CI.x.EH0	
H2B.GH.86.D205_ALT	
H2G.CI.92.Abt96	
H2U.CI.07.07IC_TNP3	
H2U.FR.96.12034	
ASC.UG.10.RT03	
ASC.UG.10.RT08	
ASC.UG.10.RT11	
COL.CM.x.CGU1	
COL.UG.10.BWC01	
COL.UG.10.BWC07	
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	
DEB.CM.99.CM40	
DEB.CM.99.CM5	
DRL.DE.11.D3	
DRL.DE.11.D4	
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	
GSN.CM.99.CN166	
GSN.CM.99.CN71	
LST.CD.88.SIVlhoest485	
LST.CD.88.SIVlhoest524	
LST.KE.x.lho7	
MAL.ZM.09.SIVaomMAL_ZMB	
MND-1.GA.x.MND6B1	
MND-2.CM.98.CM16	
MND-2.GA.x.M14	
MND-2.x.x.5440	
MNE.US.x.MNE027	
MON.CM.99.L1_99CML1	
MUS-1.CM.01.CM1239	
MUS-2.CM.01.CM1246	
MUS-3.GA.09.09Gab0I81	
OLC.CI.97.97CI12	
RCM.CM.00.SIVraq1_00CM312	GGAGGAAA
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	GGAGGAAA
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	
SAB.SN.x.SAB1	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	
SMM.SL.92.SL92B	
SMM.US.06.FTq	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	
SMM.US.86.CFU212	
SMM.US.x.H9	
SUN.GA.98.L14	
SYK.KE.x.KE51	
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	
TAL.CM.00.266	
TAL.CM.01.8023	
TAN.UG.x.SIVaomTAN1	
VER.KE.x.AGM155	
VER.ZA.10.VSAC4004	
VER.ZA.10.VSAG1003	
VER.ZA.10.VSAM0022	
WRC.CI.98.98CI04	
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	

V

HIV-1/SIVcpz Proteins

Contents

V-1	Introduction	307
V-2	Annotated features	308
V-3	Sequences	310
V-4	Alignments	318
	V-4.1 Gag	318
	V-4.2 Pol	326
	V-4.3 Vif	340
	V-4.4 Vpr	344
	V-4.5 Tat	346
	V-4.6 Rev	348
	V-4.7 Vpu	350
	V-4.8 Env	352
	V-4.9 Nef	364

V-1 Introduction

The HIV-1/SIVcpz protein alignments are based on the complete genome nucleotide alignment, but in some cases a few sequences were removed because they were too short to be informative (especially in Nef), had many stop codons, or a problematic segment of amino acids. As with the other alignments in this compendium, they are intended to display the genetic variation of the world-wide HIV epidemic in a compact form. They are annotated in more detail than the complete genome nucleotide alignment.

V-2 Annotated features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Protein	Location	Page
Gag start, p17 start	Gag	1	318
membrane binding	Gag	1-30	318
phosphorylation site	Gag	112	318
p17 end	Gag	132	318
p24 start	Gag	133	318
CyPA binding	Gag	205-241	320
major homology region	Gag	285-304	320
p24 end	Gag	364	322
p2 start	Gag	365	322
p2 end	Gag	377	322
p7 start	Gag	378	322
Zn motif	Gag	392-404	322
Zn motif	Gag	413-425	322
p7 end	Gag	432	322
p1 start	Gag	433	322
p1 end	Gag	448	322
p6 start	Gag	449	322
Vpr binding	Gag	455-460	324
Vpr binding	Gag	489-494	324
p6 end, Gag end	Gag	501	324
Pol start	Pol	1	326
Gag-Pol TF start	Pol	1	326
Gag-Pol TF end	Pol	56	326
protease start	Pol	57	326
protease end	Pol	155	328
p66, p51 RT start	Pol	156	328
M41L	Pol	196	328
D67N	Pol	222	328
K70R	Pol	225	328
D110 catalytic site	Pol	265	328
polymerase motif	Pol	337-342	330
M184V	Pol	339	330
T215Y	Pol	370	330
K219Q	Pol	374	330
p51 RT end	Pol	595	332
p15 RNase H start	Pol	596	332
p66 RT, p15 Rnase H end	Pol	715	334
p31 Integrase start	Pol	716	334
p31 Integrase end	Pol	1004	338
Pol end	Pol	1004	338
Vif start	Vif	1	340
Vif end	Vif	193	342
Vpr start	Vpr	1	344
oligomerization	Vpr	1-41	344
amphipathic α -helix	Vpr	17-33	344
H(S/N)RIG motifs	Vpr	71-83	344
frameshift in HXB2	Vpr	72	344
Vpr end in HXB2	Vpr	79	344

Feature	Protein	Location	Page
Vpr end	Vpr	98	344
Tat start	Tat	1	346
C-rich region	Tat	22-37	346
nuclear localization	Tat	49-57	346
exon 1 end	Tat	72	346
exon 2 start	Tat	73	346
Tat end	Tat	102	346
Rev start	Rev	1	348
exon 1 end	Rev	25	348
exon 2 start	Rev	26	348
NLS	Rev	34-49	348
Leu-rich effector domain	Rev	75-83	348
Rev end	Rev	117	348
Vpu start	Vpu	1	350
transmembrane domain	Vpu	1-27	350
cytoplasmic domain	Vpu	28-82	350
α -helix	Vpu	43-51	350
phos	Vpu	53	350
phos	Vpu	57	350
α -helix	Vpu	58-70	350
Vpu end	Vpu	83	350
Env start	Env	1	352
signal peptide end	Env	30	352
gp120 start	Env	31	352
glycosylation NVT	Env	88-90	352
CD4 binding	Env	124	352
V1	Env	131-156	352
glycosylation NDT	Env	136-138	352
glycosylation NSS	Env	141-143	352
glycosylation NCS	Env	156-158	354
V2	Env	158-196	354
glycosylation NIS	Env	160-162	354
glycosylation NDT	Env	186-188	354
glycosylation NTS	Env	197-199	354
CD4 binding	Env	196	354
glycosylation NKT	Env	230-232	354
glycosylation NGT	Env	234-236	354
glycosylation NVS	Env	241-243	354
glycosylation NGS	Env	262-264	354
glycosylation NFT	Env	276-278	354
CD4 binding	Env	279	354
glycosylation NTS	Env	289-291	356
glycosylation NCT	Env	295-297	356
V3	Env	296-331	356
glycosylation NNT	Env	301-303	356
V3 tip	Env	312-315	356
glycosylation NNT	Env	339-341	356
glycosylation NKT	Env	356-358	356
CD4 binding	Env	365	356
V4	Env	385-418	356
glycosylation NST	Env	386-388	356
glycosylation NST	Env	392-394	356
glycosylation NST	Env	397-399	356

Feature	Protein	Location	Page
glycosylation NNT	Env	406-408	358
CD4 binding	Env	425	358
glycosylation NIT	Env	448-450	358
CD4 binding	Env	455	358
V5	Env	460-471	358
glycosylation NES	Env	463-465	358
CD4 binding	Env	469	358
fusion peptide	Env	512-527	358
gp120 end	Env	511	358
gp41 start	Env	512	358
immunodominant region	Env	588-607	360
glycosylation NAS	Env	611-613	360
glycosylation NKS	Env	616-618	360
glycosylation NHT	Env	624-626	360
glycosylation NYT	Env	637-639	360
transmembrane domain	Env	685-704	360
gp41 cytoplasmic tail start	Env	705	360
glycosylation NGS	Env	750-752	362
glycosylation NAT	Env	816-818	362
cytoplasmic tail end	Env	857	362
gp41 end	Env	857	362
Env end	Env	857	362
Nef start	Nef	1	364
myristoylation	Nef	2-7	364
acidic cluster	Nef	62-65	364
poly-P helix	Nef	69-78	364
phosphorylation	Nef	77-81	364
HXB2 premature Nef end	Nef	124	364
normal Nef end	Nef	207	366

V-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1 protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	All	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
A1.CD.02.LA01AIPr	KU168256	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
A1.CM.08.886_24	KP718928	All	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)
A1.ES.15.100_117	KY496622	All	Cuevas, M.T.	Unpublished
A1.KE.11.DEMA111KE002	KF716474	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A1.PK.15.PK034	KX232624	All	Chen, Y.	<i>PLoS ONE</i> 11 (12):E0167839 (2016)
A1.RW.11.DEMA111RW002	KF716472	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A1.SE.13.078SE	MF373181	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
A1.UG.11.DEMA110UG009	KF716486	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
A2.CM.01.01CM_1445MV	GU201516	All	Carr, J.K.	<i>Retrovirology</i> 2010 Apr 28;7:39 doi: 101186/1742-4690-7-39
A3.SN.01.DDI579	AY521629	All	Meloni, S.T.	<i>J Virol</i> 78 (22):12438-12445 (2004)
A4.CD.97.97CD_KCC2	AM000053	All	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 22 (2):182-187 (2006)
A6.BY.13.PV85	KT983615	All	Sasinovich, S.	Unpublished
A6.IT.02.60000	EU861977	All	Riva, C.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1319-25 (2008)
A6.RU.11.11RU6950	JX500694	All	Baryshev, P.B.	<i>ARHR</i> 30 (6); 592-7 (2014)
A6.UA.12.DEMA112UA024	KU749403	All	Hora, B.	Unpublished
B.AR.14.DEMB14AR003	KY658685	All	Hora, B.	Unpublished
B.BR.10.10BR_MG035	KJ849804	All	Pessoa, R.	<i>Transfusion</i> 55 (5); 980-90 (2015)
B.CU.14.14CU005	KR914676	All	Blanco, M.	Unpublished
B.DE.13.366396	KT124767	All	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
B.DE.13.947915	KT124808	All	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
B.DO.11.DEMB11DR001	KY658702	All	Hora, B.	Unpublished
B.ES.15.100600	KY989956	All	Cuevas, M.T.	Unpublished
B.FR.11.DEMB11FR001	KF716496	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.JP.12.DEMB12JP001	KF716498	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
B.PH.15.DEMB15PH003	KY658690	All	Hora, B.	Unpublished
B.RU.11.11RU21n	JX500708	All	Baryshev, P.B.	Unpublished
B.SE.15.102SE	MF373204	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
B.TH.10.DEMB10TH002	KP109514	All	Hora, B.	Unpublished
B.US.16.2609	KX505536	All	Bruner, K.M.	<i>Nat Med</i> 22 (9); 1043-9 (2016)
C.BR.11.DEMC11BR035	KU749393	All	Hora, B.	Unpublished
C.CN.10.YNFL19	KC870038	All	Wei, H.	Unpublished
C.DE.10.622166	KT124786	All	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
C.ES.15.100_118	KY496624	All	Cuevas, M.T.	Unpublished
C.ET.08.ET104	KU319528	All	Amogne, W.	<i>ARHR</i> 32 (5); 471-4 (2016)
C.IN.15.NIRT008	KX069226	All	Aralaguppe, S.G.	<i>J Virol Methods</i> 2016 Oct;236:98-104 doi: 101016/jjviromet201607010 Epub 2016 Jul 19
C.MW.09.703010256_CH256.w96	KC156214	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.NG.10.10NG020523	KX389612	All	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
C.NP.11.11NP016	KU341724	All	Bhusal, N.	<i>Curr HIV Res</i> 14 (6):517-524 (2016)
C.PK.14.DEMC14PK009	KU749412	All	Hora, B.	Unpublished
C.SE.15.100ET	MF373202	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	KC156220	All	Parrish, N.F.	<i>PNAS USA</i> 110 (17); 6626-33 (2013)
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	KT982201	All	Rainwater-Lovett, K.	<i>PLoS ONE</i> 12 (2):E0170548 (2017)
C.ZA.13.DEMC13ZA152	KU749417	All	Hora, B.	Unpublished
C.ZM.11.DEMC11ZM006	KF716467	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.BR.10.10BR_RJ095	KJ787684	All	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00586-14 (2014)
D.CD.03.LA17MuBo	KU168271	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
D.CM.10.DEMD10CM009	JX140670	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.CY.06.CY163	FJ388945	All	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 25 (8); 727-40 (2009)
D.KE.11.DEMD11KE003	KF716476	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.SE.12.077UG	MF373180	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
D.TZ.04.CO6405V4	KX907406	All	Billings, E.	<i>ARHR</i> 33 (4); 373-381 (2017)
D.UG.10.DEMD10UG004	KF716479	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.UG.11.DEMD11UG003	KF716480	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
D.YE.02.02YE516	AY795907	All	Saad, M.D.	<i>ARHR</i> 21 (7):644-648 (2005)
F1.AO.06.AO_06_ANG32	FJ900266	All	Guimaraes, M.L.	<i>Retrovirology</i> 6 , 39 (2009)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	All	Aulicino, P.C.	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BR.11.DEMF111BR037	KU749396	All	Hora, B.	Unpublished
F1.CY.08.CY222	JF683771	All	Kousiappa, I.	<i>ARHR</i> 27 (11); 1183-99 (2011)
F1.ES.11.VA0053_nfl	KJ883138	All	Delgado, E.	<i>PLoS ONE</i> 10 (11):E0143325 (2015)
F1.FR.04.LA22LeRe	KU168276	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
F1.RO.03.LA20DuCl	KU168274	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
F1.RU.08.D88_845	GQ290462	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 25 (11):1187-1191 (2009)
F2.CM.10.DEMF210CM007	JX140673	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
F2.CM.11.DEURF11CM026	KU749422	All	Hora, B.	Unpublished
G.CD.03.LA23LiEd	KU168277	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
G.CM.08.789_10	KP718925	All	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)
G.CM.10.DEMG10CM008	JX140676	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.CN.08.GX_2084_08	JN106043	All	Liu, W.	<i>Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi</i> 34 (1); 53-6 (2013)
G.CN.16.224GX	KY275364	All	Zhang, M.	Unpublished
G.ES.14.EUR_0033	KU685592	All	Cuevas, T.	Unpublished
G.GW.08.LA57LmNe	KU168300	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
G.KE.09.DEMG09KE001	KF716477	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
G.NG.12.12NG060409	KX389648	All	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
H.CD.04.LA19KoSa	KU168273	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
H.CF.02.LA25LeMi	KU168279	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
J.CD.03.LA26DiAn	KU168280	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
J.CM.04.04CMU11421	GU237072	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 26 (6); 693-7 (2010)
K.CD.97.97ZR_EQTB11	AJ249235	All	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	All	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
01_AE.CM.11.1156_26	KP718930	All	Luk, K.-C.	<i>PLoS One</i> 10 (11); e0141723 (2015)
01_AE.CN.12.DE00112CN011	KP109508	All	Hora, B.	Unpublished
01_AE.IR.10.10IR_THR48F	AB703616	All	Jahanbakhsh, F.	<i>ARHR</i> 29 (1); 198-203 (2013)
01_AE.JP.11.DE00111JP003	KF859741	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
01_AE.MM.14.fKSDU26	KU820849	All	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 101080/2150559420161226722
01_AE.PH.15.DE00115PH012	KY658688	All	Hora, B.	Unpublished
01_AE.SE.12.070SE	MF373173	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
01_AE.TH.10.DE00110TH001	KP109513	All	Hora, B.	Unpublished
01_AE.TH.11.40436v09_04	KY580697	All	Kijak, G.H.	<i>PLoS Pathog</i> 13 (7); e1006510 (2017)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	All	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)
02_AG.CM.10.DE00210CM013	KF859739	All	Sanchez, A.M.	<i>J Immunol Methods</i> 2014 Jul;409:117-30 doi: 101016/jjim201401004 Epub 2014 Jan 19
02_AG.DE.09.701114	KT124792	All	Tully, D.C.	<i>PLoS Pathog</i> 12 (5); e1005619 (2016)
02_AG.KR.12.12MHI11_10746	KF561437	All	Cho, Y.-K.	Unpublished
02_AG.KR.12.12MHR9	KF561435	All	Cho, Y.-K.	Unpublished
02_AG.LR.x.POC44951	AB485636	All	Baesi, K.	<i>PLoS One</i> 9 (9); e105098 (2014)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
02_AG.NG.12.12NG060304	KX389647	All	Heipertz, R.A. Jr.	<i>Medicine(Baltimore)</i> 95 (32):E4346 (2016)
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	All	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
02_AG.PK.15.PK032	KX232622	All	Chen, Y.	<i>PLoS ONE</i> 11 (12):E0167839 (2016)
02_AG.SE.14.098GN	MF373200	All	Neogi, U.	<i>Sci Rep</i> 7 (1):6371 (2017)
02_AG.SN.13.9580	KT223760	All	Aman, S.	Unpublished
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	All	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)
04_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	All	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	All	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	All	Oelrichs, R.B.	<i>ARHR</i> 14 (16):1495-1500 (1998)
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	All	Rodenburg, C.M.	<i>ARHR</i> 17 (2):161-168 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	All	Piyasirisilp, S.	<i>J Virol</i> 74 (23):11286-11295 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	All	McCutchan, F.E.	<i>ARHR</i> 20 (8):819-826 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	All	Kouliniska, I.N.	<i>ARHR</i> 17 (5):423-431 (2001)
11_cpx.CM.95.95CM_1816	AF492624	All	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	All	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
13_cpx.CM.96.96CM_1849	AF460972	All	Wilbe, K.	<i>ARHR</i> 18 (12):849-56 (2002)
14_BG.ES.05.X1870	FJ670522	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	All	Viputtijul, K.	<i>ARHR</i> 18 (16):1235-1237 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	All	Gao, F.	<i>ARHR</i> 17 (8):675-688 (2001)
17_BF.AR.99.ARMA038	AY037281	All	Carr, J.K.	<i>AIDS</i> 15 (15):F41-F47 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	All	Thomson, M.M.	<i>AIDS</i> 19 (11):1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	All	Casado, G.	<i>JAIDS</i> 40 (5):532-537 (2005)
20_BG.CU.99.Cu103	AY586545	All	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
21_A2D.KE.99.KER2003	AF457051	All	Dowling, W.E.	<i>AIDS</i> 16 (13):1809-1820 (2002)
22_01A1.CM.01.01CM_0001BBY	AY371159	All	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	All	Sierra, M.	<i>JAIDS</i> 45 (2):151-160 (2007)
24_BG.ES.08.X2456_2	FJ670526	All	Cuevas, M.T.	<i>ARHR</i> 26 (9); 1019-25 (2010)
25_cpx.CM.02.1918LE	AY371169	All	Kijak, G.H.	<i>ARHR</i> 20 (5):521-530 (2004)
26_A5U.CD.02.02CD_MBTB047	FM877782	All	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 25 (8):823-832 (2009)
27_cpx.FR.04.04CD_FR_KZS	AM851091	All	Vidal, N.	<i>ARHR</i> 24 (2):315-321 (2008)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	All	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
29_BF.BR.01.BREPM16704	DQ085876	All	Sa Filho, D.J.	<i>ARHR</i> 22 (1):1-13 (2006)
31_BC.BR.04.04BR142	AY727527	All	Sanabani, S.	<i>ARHR</i> 22 (2):171-176 (2006)
32_06A6.EE.01.EE0369	AY535660	All	Adojaan, M.	<i>JAIDS</i> 39 (5):598-605 (2005)
33_01B.ID.07.JKT189_C	AB547463	All	SahBandar, I.N.	<i>ARHR</i> 27 (1); 97-102 (2011)
34_01B.TH.99.OUR1969P	EF165539	All	Tovanabutra, S.	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.07.169H	GQ477446	All	Sanders-Buell, E.	<i>ARHR</i> 26 (5):605-608 (2010)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	All	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (8):1008-1019 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	All	Powell, R.L.	<i>ARHR</i> 23 (7):923-933 (2007)
38_BF1.UY.03.UY03_3389	FJ213783	All	Ruchansky, D.	<i>ARHR</i> 25 (3); 351-6 (2009)
39_BF.BR.04.04BRRJ179	EU735535	All	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
40_BF.BR.05.05BRRJ055	EU735537	All	Guimaraes, M.L.	<i>AIDS</i> 22 (3):433-435 (2008)
41_CD.TZ.05.CO6577V5	KX907411	All	Billings, E.	<i>ARHR</i> 33 (4); 373-381 (2017)
42_BF.LU.03.luBF_01_03	EU170151	All	Struck, D.	<i>ARHR</i> 31 (5); 554-8 (2015)
43_02G.SA.03.J11223	EU697904	All	Badreddine, S.	<i>ARHR</i> 23 (5):667-674 (2007)
44_BF.CL.00.CH80	FJ358521	All	Delgado, E.	<i>ARHR</i> 26 (7); 821-6 (2010)
45_cpx.FR.04.04FR_AUK	EU448295	All	Frangé, P.	<i>Retrovirology</i> 2008 Aug 1;5:69 doi: 101186/1742-4690-5-69
46_BF.BR.07.07BR_FPS625	HM026456	All	Sanabani, S.S.	<i>Virol J</i> 2010 Apr 16;7:74 doi: 101186/1743-422X-7-74

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
47_BF.ES.08.P1942	GQ372987	All	Fernandez-Garcia, A.	<i>ARHR</i> 26 (7); 827-32 (2010)
48_01B.MY.07.07MYKT021	GQ175883	All	Li, Y.	<i>JAIDS</i> 54 (2):129-136 (2010)
49_cpx.GM.03.N26677	HQ385479	All	de Silva, T.I.	<i>Retrovirology</i> 7 (1):82 (2010)
50_A1D.GB.10.12792	JN417240	All	Foster, G.M.	<i>PLoS One</i> 9 (1); e83337 (2014)
51_01B.SG.11.11SG_HM021	JN029801	All	Ng, O.T.	<i>ARHR</i> 28 (5); 527-30 (2012)
52_01B.MY.03.03MYKL018_1	DQ366664	All	Tee, K.K.	<i>JAIDS</i> 43 (5):523-529 (2006)
53_01B.MY.11.11FIR164	JX390610	All	Chow, W.Z.	<i>J Virol</i> 86 (20):11398-11399 (2012)
54_01B.MY.09.09MYSB023	JX390976	All	Ng, K.T.	<i>J Virol</i> 86 (20):11405-11406 (2012)
55_01B.CN.10.HNCS102056	JX574661	All	Han, X.	<i>Genome Announc</i> 1 (1):E00050-12 (2013)
56_cpx.FR.10.URF5_patient_A	JN882655	All	Leoz, M.	<i>AIDS</i> 25 (11):1371-1377 (2011)
57_BC.CN.09.09YNLX19sg	KC899008	All	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
58_01B.MY.09.09MYPR37	KC522031	All	Chow, W.Z.	<i>PLoS ONE</i> 9 (1):E85250 (2014)
59_01B.CN.09.09LNA423	JX960635	All	An, M.	<i>J Virol</i> 86 (22); 12402-6 (2012)
60_BC.IT.11.BAV499	KC899079	All	Simonetti, F.R.	<i>Infect Genet Evol</i> 2014 Apr;23:176-81 doi: 101016/j.meegid.2014.02.007 Epub 2014 Mar 3
61_BC.CN.10.JL100010	KC990124	All	Li, X.	<i>Genome Announc</i> 2013 Jun 27;1(3) pii: e00326-13 doi: 101128/genomeA00326-13
62_BC.CN.10.YNFL13	KC870034	All	Wei, H.	<i>ARHR</i> 30 (4):380-383 (2014)
63_02A.RU.10.10RU6637	JN230353	All	Baryshev, P.B.	<i>Arch Virol</i> 157 (12); 2335-41 (2012)
64_BC.CN.09.YNFL31	KC870042	All	Hsi, J.	<i>ARHR</i> 30 (4); 389-93 (2014)
65_cpx.CN.10.YNFL01	KC870027	All	Feng, Y.	<i>ARHR</i> 30 (6); 598-602 (2014)
67_01B.CN.11.ANHUI_HF115	KC183779	All	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
68_01B.CN.11.ANHUI_WH73	KC183782	All	Wu, J.	<i>PLoS ONE</i> 8 (1):E54322 (2013)
69_01B.JP.05.05JPMYC113SP420	LC027100	All	Kusagawa, S.	<i>Genome Announc</i> 2015 May 28;3(3) pii: e00196-15 doi: 101128/genomeA00196-15
70_BF1.BR.10.10BR_PE004	KJ849758	All	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
71_BF1.BR.10.10BR_PE008	KJ849759	All	Pessoa, R.	<i>PLoS One</i> 9 (11); e112674 (2014)
72_BF1.BR.10.10BR_MG002	KJ671534	All	Pessoa, R.	<i>Genome Announc</i> 2 (3):e00386-14 (2014)
73_BG.DE.01.9196_01	AY882421	All	Harris, B.	<i>ARHR</i> 21 (7):654-660 (2005)
74_01B.MY.10.10MYPR268	KR019771	All	Cheong, H.T.	<i>PLoS ONE</i> 10 (7):E0133883 (2015)
77_cpx.MY.14.14MYNBB090	KX673820	All	Tee, K.K.	<i>Genome Announc</i> 2017 Jun 29;5(26) pii: e00459-17 doi: 101128/genomeA00459-17
78_cpx.CN.13.YNTC19	KU161143	All	Song, Y.	<i>ARHR</i> 2016 Apr 8
79_0107.CN.15.SX15DT013	KY216146	All	Li, Y.	<i>ARHR</i> 2017 May 30 doi: 101089/aid20170066
82_cpx.MM.13.mSSDU12	KU820825	All	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 101080/2150559420161226722
83_cpx.MM.13.mSSDU94	KU820847	All	Chen, X.	<i>Virulence</i> 2016 Aug 30:1-7 doi: 101080/2150559420161226722
85_BC.CN.14.14CN_SCYB2	KU992929	All	Su, L.	<i>ARHR</i> 2016 Jun 13
86_BC.CN.13.15YNHS18	KX582249	All	Li, Y.	<i>ARHR</i> 2016 Oct 18
87_cpx.CN.12.DH32	KF250408	All	Wei, H.	<i>Sci Rep</i> 2015 Jul 2;5:11323 doi: 101038/srep11323
88_BC.CN.05.05YNRL25sg	KC898979	All	Han, X.	<i>PLoS ONE</i> 8 (5):E65337 (2013)
90_BF1.BR.11.BRGO6043	KY628221	All	Reis, M.N.d.G.	<i>PLoS ONE</i> 12 (6):E0178578 (2017)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
O.CM.96.LA51YBF35	KU168294	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
O.CM.96.LA52YBF39	KU168295	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
O.CM.x.pCMO2_3	AY618998	All	Tebit, D.M.	<i>Virology</i> 326 (2):329-339 (2004)
O.ES.01.Read25_HIV_GroupO	KX228804	All	Ragupathy, V.	Unpublished
O.FR.06.RBF206	KY112585	All	Mack, K.	<i>J Virol</i> 2017 Feb 28;91(6) pii: e02177-16 doi: 10.1128/JVI02177-16 Print 2017 Mar 15
O.GA.10.10Gab1190	JX245014	All	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7); 1085-90 (2013)
O.GA.11.11Gab6352	JX245015	All	Liegeois, F.	<i>ARHR</i> 29 (7); 1085-90 (2013)
O.SN.99.99SE_MP1300	AJ302647	All	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
O.US.10.LTNP	JN571034	All	Buckheit, R.W.3.	<i>ARHR</i> 30 (6); 511-513 (2014)
N.CM.15.S4858	KY498771	All	Rodgers, M.A.	<i>Virology</i> 504 , 141-151 (2017)
N.FR.11.N1_FR_2011	JN572926	All	Delaugerre, C.	<i>Lancet</i> 378 (9806); 1894 (2011)
P.CM.06.U14788	HQ179987	All	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3); 1403-7 (2011)
P.FR.09.RBF168	GU111555	All	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8); 871-2 (2009)
CPZ.TZ.06.TAN5	JN091691	All	Rudicell, R.S.	<i>J Virol</i> 85 (19); 9918-28 (2011)
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	All	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2	KP004991	All	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15	KP004990	All	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)

B. FR. 83. HXB2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032. 3
05 DF. BE. x. V11310
98 cpx. AU. 96. BF9909
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CN63 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. BR. 99. ARNA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 AZD. KR. 97. 97KR084
17 BF. BR. 99. ARMA038
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 AZD. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
28 cpx. FR. 04. 04CF FR K25
29 BF. BR. 01. BREPM12609
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. AR1969F
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 05. 05BRJ055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CE. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR F5625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 10GB 1702
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYK018 1
53 01B. MY. 11. 11F1R164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 05. 05FR 00t1ent_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. 100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNHL01
67 01B. CN. 11. ANHU1 HF115
68 01B. CN. 11. ANHU1 WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. S5SDT013
82 cpx. MM. 13. m5SDU12
83 cpx. MM. 13. m5SDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCY82
86 BC. CN. 13. 13YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YHGL25sg
90 BF1. BR. 11. BR606343
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02 3
0. ES. 01. ReaD2L HIV_Group0
0. FR. 06. RBF296
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. LTNP
0. CM. 15. S4858
N. FR. 11. N1 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor B01D2
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1D15

Table with columns: membrane binding, Gag start, p17 start, phosphorylation site, p17 end, p24 start. Rows correspond to HIV-1/SIV sequences.

CyPA binding

major homology region

B. FR. 83. HXB2	QMQVHQATSPRTLNAWVHKVVEKAFSPVEIPIFMSALSEGATPQDLNLTMLNTGVGHOAAQMLKETINEEAAEWDRVHPVHAGPIAPGQMPREPRGSDIAGTTSTLQEQIGW.MTN.NPP. I.PVGEI.YKRWILGLNKLIVMSPYTSLLDIRQGPKEPFRDYDRFYKTL	304
A1.CD.02.LA01A1Pr	-T-L-L-A-T-M-I-D-L-Q-P-L-G-V-V-F-I	310
A1.CM.08.886_24	-T-SL-G-M-I-D-L-AQ-P-L-P-G-D-D-F-V	304
A1.EF.15.100_117	-NL-I-I-D-L-P-L-P-LQ-A-D-D-V-K-F-A	304
A1.KE.11.DEMA111KE002	-I-SL-I-M-I-D-L-IQ-V-L-P-A-G-D-D-V-K-F-V	304
A1.PK.15.PK034	-FIY-V-AI-I-D-D-L-P-VP-I-D-S-R-S-G-A-D-D-V-K-F-V	304
A1.RW.11.DEMA111RW002	-SL-I-M-I-D-L-P-VP-I-D-S-R-S-G-A-D-D-V-K-F-V	305
A1.SE.13.078SE	-TL-I-M-I-D-L-P-A-G-A-D-R-V-K-F-C	305
A1.UG.11.DEMA110UG009	-V-I-G-M-I-D-L-L-P-I-T-A-G-A-D-R-V-K-F-C	305
A2.CM.01.01CM_1445MV	-SM-I-T-D-L-L-P-S-G-V-V-K-F-C	300
A3.SN.01.DDI579	-SL-I-T-M-I-D-L-M-P-S-S-V-R-V-K-F-C	302
A4.CD.97.97CD_KCC2	-L-M-C-M-I-D-L-M-P-S-S-V-V-K-F-C	304
A6.BY.13.PV85	-SM-I-I-M-I-D-D-T-TQ-LP-L-A-S-S-D-F	304
A6.IT.02.60000	-SL-I-T-M-I-D-L-IQ-LP-L-A-S-S-D-F	304
A6.RU.11.11RU6950	-I-SM-I-M-I-D-L-AQ-PP-S-S-D-F	305
A6.UA.12.DEMA112UA024	-SM-I-T-D-L-AQ-FPA-S-V-V-K-F-C	304
B.AR.14.DEMB14AR003	-L-I-T-T-L-Q-V-L-N-A-H-D-M-V	304
B.BR.10.10BR_MG035	-PL-I-T-L-Q-V-L-N-A-H-D-M-V	305
B.CU.14.14CU005	-L-I-T-KAGGG-TPQ-PSTY-LPKCF-R-L-S-D-MS-A-D-GDCAL-TSD-GL-T-SP-HGGE-QRW-SR	304
B.DE.13.366396	-L-I-L-V-T-S-M-VG	304
B.DE.13.947915	-L-I-L-V-T-S-M-VG	307
B.DO.11.DEMB11DR001	-PLT-I-T-L-Q-V-I-A-H-V-M-V-K	309
B.EF.15.100_118	-L-I-T-L-Q-V-I-A-H-V-M-V-K	304
B.FR.11.DEMB11FR001	-L-I-T-L-NP-A-M-V-K	304
B.JP.12.DEMB12JP001	-L-I-T-L-NP-A-M-V-K	304
B.PH.15.DEMB15PH003	-L-I-T-L-V-M-V-K	304
B.RU.11.11RU21n	-P-I-T-L-V-M-V-K	304
B.SE.15.10256	-P-I-T-L-V-M-V-K	304
B.TH.10.DEMB10TH002	-L-I-T-L-A-V-L-D-S-A-H-V-K-V	309
B.US.16.2609	-L-I-T-L-V-L-S-A-H-V-K-V	302
C.BR.11.DEMC11BR035	-T-P-I-T-I-D-L-V-A-G-V-D-V-K-F	301
C.CN.10.YNFL19	-P-I-T-A-I-DV-L-V-L-S-A-T-A-V-V-K-F-C	301
C.DE.10.622166	-P-A-I-T-A-L-V-L-S-A-T-A-V-V-K-F-C	301
C.EF.15.100_118	-PL-I-G-N-T-I-D-L-Q-V-L-S-A-T-A-V-V-D	302
C.ES.08.ET104	-SL-I-R-T-T-D-L-Q-V-L-N-A-H-V-D	302
C.IN.15.NIRT008	-PL-I-G-N-T-M-I-D-L-Q-V-I-D-N-A-S-V-D	301
C.MW.09.703010256_CH256.w96	-PL-I-G-N-T-M-I-D-L-Q-V-I-D-N-A-S-V-D	301
C.NG.10.10NG020523	-L-I-I-T-D-L-A-V-I-D-N-A-S-V-D	301
C.NP.11.11NP016	-P-I-T-T-L-V-I-D-N-A-S-V-D	307
C.PK.14.DEMC14PK009	-I-I-T-T-L-V-I-D-N-A-S-V-D	302
C.SE.15.100ET	-L-I-T-T-L-V-I-D-N-A-S-V-D	302
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	-L-I-T-T-L-P-V-L-D-A-A-A-D-V-K-F	300
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	-L-I-T-T-L-NP-V-L-D-A-A-A-D-V-K-F	305
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-L-I-T-T-L-Q-V-L-A-S-D-D-V-K-F	302
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-L-I-T-T-L-Q-V-V-A-S-D-D-M-V-K-F-C	302
D.BR.10.10BR_R3095	-L-I-T-T-L-V-V-A-S-A-V-V	304
D.CD.03.LA1_7M050	-L-I-T-T-L-V-V-A-S-A-V-V	304
D.CM.10.DEMD10CM009	-L-I-T-T-L-V-V-A-S-A-V-D	303
D.CY.06.CY163	-L-I-T-T-L-V-V-A-S-A-V-D	304
D.KE.11.DEMD11KE003	-I-S-I-D-N-H-A-D-L-Q-HP-V-D	304
D.SE.12.077UG	-L-I-T-T-L-Q-V-V-A-S-D-V	304
D.TZ.04.C06405V4	-L-I-T-T-L-Q-HP-HL-A-A-S-D	305
D.UG.10.DEMD10UG004	-L-I-T-T-L-Q-V-V-A-S-D-V	304
D.UG.11.DEMD11UG003	-L-I-T-T-L-Q-V-V-A-S-D-V	303
D.YE.02.02YE516	-I-I-N-G-L-AQ-I-V-S-E-R-S-V	302
F1.A0.06.A0_06_ANG32	-Y-SL-I-I-D-D-L-PQ-I-P-Q-S-V-L-V-K-F-C	301
F1.AR.02.ARE933	-SL-I-I-A-D-D-L-A-P-VP-P-O-S-V-V-K-F-A	301
F1.BR.11.DEMF11BR037	-SL-I-I-I-D-D-L-VP-P-O-S-V-V-K-F-A	301
F1.CY.08.CY22	-L-I-T-T-D-L-P-P-N-O-S-V-V-D	300
F1.EF.11.VA0053_nfl	-L-I-T-T-D-L-P-P-N-O-S-V-V-D	300
F1.FR.04.LA22LeRe	-P-I-I-T-D-D-L-PV-P-I-O-O-G-V-D	300
F1.R0.03.LA200dC1	-S-I-I-T-D-D-L-PV-P-I-O-O-G-V-D	302
F1.RU.08.D88_845	-S-I-I-T-D-D-L-P-P-I-O-O-G-V-D	306
F2.CM.10.DEMF210CM007	-X-I-T-T-D-L-AQ-P-I-A-S-V-D	300
F2.CM.11.DEURF11CM026	-X-I-T-T-D-L-AQ-P-I-A-S-V-D	297
G.CD.03.LA231eId	-PI-L-S-I-D-D-I-PQ-P-I-R-S-V-V-K-F-A	304
G.CM.08.789_10	-PI-L-S-I-D-D-I-PQ-P-I-R-S-V-V-K-F-A	304
G.CM.10.DEMG10CM008	-SL-I-T-T-D-D-L-PQ-PP-I-D-N-VA-G-V-V-K-F	304
G.CN.08.GX_2084_08	-SL-I-T-T-D-D-L-PQ-PP-I-D-N-VA-G-V-V-K-F	301
G.CN.16.224GX	-SL-I-T-T-D-D-L-PQ-PP-I-D-N-VA-G-V-V-K-F	305
G.ES.14.EUR_0033	-P-G-I-T-T-D-D-I-PQ-PP-I-D-N-VA-G-V-V-K-F	303
G.GE.08.LA57LmNe	-P-G-I-T-T-D-D-I-PQ-PP-I-D-N-VA-G-V-V-K-F	300
G.KE.09.DEMG09KE001	-G-I-T-T-D-D-L-MQ-P-I-Q-S-V-V-V	304
G.NG.12.12NG060409	-G-I-T-T-D-D-L-MQ-P-I-Q-S-V-V-V	303
H.CD.04.LA19KoSa	-P-I-R-A-I-T-D-D-L-Q-N-N-A-A-V-V-K-F	307
H.CF.02.LA25LeM1	-P-L-I-I-A-I-T-D-D-L-Q-N-N-A-A-V-V-K-F	301
J.CD.03.LA26d1An	-P-L-I-I-A-I-T-D-D-L-V-P-A-N-A-S-V-V-K-F	304
J.CM.04.04CMU11421	-P-L-I-I-X-I-A-I-T-D-D-L-V-P-A-N-A-S-V-V-K-F	304
K.CD.97.97ZR_EQT811	-L-I-T-T-D-D-L-MQ-P-I-T-S-V-V-FR	300
K.CM.96.96CM_MP535	-L-I-T-T-D-D-L-MQ-P-I-T-S-V-V-FR	300
01.AE.CM.11.1156_26	-I-PV-I-G-N-M-I-D-D-NP-I-A-S-V-V	304
01.AE.CN.12.DE0012CN011	-SL-I-I-G-N-M-I-D-D-L-Q-P-V-V-I-D	304
01.AE.IR.10.10TR_THR48F	-T-PV-I-G-N-M-I-D-D-L-Q-P-V-V-I-D	304
01.AE.JP.11.DE00111JP003	-P-I-G-N-M-I-D-D-L-Q-P-V-V-I-D	304
01.AE.MM.14.FKSDU26	-P-I-G-N-M-I-D-D-L-Q-P-V-V-I-D	297
01.AE.PH.15.DE00115PH012	-PV-I-G-N-M-I-D-D-IQ-P-L-P-G-S-D-V	304
01.AE.SE.12.0709E	-P-V-I-G-N-M-I-D-D-IQ-P-L-P-G-S-D-V	304
01.AE.TH.10.DE00110TH001	-P-A-I-T-A-M-V-A-T-I-A-V-V-K	301
01.AE.TH.11.40436v09_04	-PV-I-G-N-M-I-D-D-P-P-X-N-G-A-D	304
01.AE.TH.90.CM240	-A-PL-I-G-N-M-I-D-D-P-P-X-N-G-A-D	304
02.AG.CM.10.DE00210CM013	-SM-I-T-T-M-I-D-D-M-P-P-N-S-V-V	306
02.AG.DE.09.701114	-T-PM-T-I-K-M-I-D-D-M-R-P-N-S-V-V	306
02.AG.KR.12.12MHR11_10746	-T-PM-T-I-K-M-I-D-D-M-R-P-N-S-V-V	301
02.AG.KR.12.12MHR9	-T-PM-T-I-K-M-I-D-D-M-R-P-N-S-V-V	301
02.AG.LR.x.P0C44951	-T-S-AI-M-I-D-D-T-Q-P-S-A-V-V	301
02.AG.NG.12.12NG060304	-SM-I-AI-T-T-M-I-D-D-L-P-D-S-V-V	301
02.AG.NG.x.IBN0	-T-SM-I-G-M-I-D-D-L-P-D-S-V-V	301
02.AG.PK.15.PK032	-SM-I-T-M-I-D-D-I-AQ-PP-L-S-V-V	301
02.AG.SE.14.098GN	-VL--K-F-V-MQ-L-KN-AD-V-I-D-D-I-AQ-PP-L-S-V-V	299

B. FR. 83. HXB2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. KAL153 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032_3
05 DF. BE. x. V11310
06 cpx. AU. 96. BF990
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM_1816
12 BF. AR. 99. ARMA159
13 cpx. CM. 96. 96CM_1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KR084
17 BF. AR. 99. ARMA938
18 cpx. CU. 99. CU7
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM_0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456_2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 A5U. CD. 02. 02CD_MBT047
27 cpx. FR. 05. 04CD_FR_K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189_C
34 01B. TH. 99. TH991969P
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03_3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 05. 05BR1055
41 CD. TZ. 05. C06577V5
42 BF. LU. 03. LuBF_01_03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH80
45 cpx. FR. 04. 04FR_AUK
46 BF. BR. 07. 07BR_FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. CM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12702
51 01B. SG. 11. 11SG_HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018_1
53 01B. MY. 11. 11FR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5_102056
56 BF. FR. 10. URES_patient_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 BC. CN. 10. 1100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHUI_HF115
68 01B. CN. 11. ANHUI_WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR_PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR_PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR_MG002
73 BG. DE. 01. 9196_01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNTC19
79 0107. CN. 15. S95DT013
82 cpx. MM. 13. mSSDU12
83 cpx. MM. 13. mSSDU94
85 BC. CN. 14. 14CN_SCYB2
86 BC. CN. 13. 15YNSH18
87 cpx. CN. 12. DH32
88 BC. CN. 05. 05YNSL25sg
89 BF1. BR. 11. BRG06643
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02_3
0. ES. 01. Residues HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10Gabl190
0. GA. 11. 11Gabl6352
0. SN. 99. 99SE_MP1300
0. US. 10. LTNP
N. CN. 15. S4858
N. FR. 11. FR_2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US_Marilyn
GOR. CM. 12. SIVgor_B01D2
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1D15

Table with columns for sequence alignment and labels: CyPA binding, major homology region. Rows correspond to the accession numbers listed on the left.

Accession	Region	p24 end_p2 start			p2 end_p7 start			Zn motif		Zn motif		p7 end_p1 start		p1 end_p6 start	
		Seq	Start	End	Seq	Start	End	Seq	Start	Seq	Start	Seq	Start	Seq	Start
B.FR.83.HXB2	AG	SN	13	9580
02	AG	SN	13	9580
03	AB	RU	97	KAL153_2
04	CPX	CY	94	94CY032_3
05	DF	BE	x	VT1310
98	CPX	AU	96	BF909
07	BC	CN	98	98CN009
08	BC	CN	97	97CNGX_6F
09	CPX	GH	96	96GH2911
10	CD	TZ	96	96TZ_BF061
11	CPX	CM	95	95CM_1816
12	BF	AR	99	ARNA159
13	CPX	CM	96	96CM_1849
14	BG	ES	05	X1870
15	01B	TH	99	99TH_MU2079
16	A2D	KR	97	97KR084
17	BF	AR	99	ARMA038
18	CPX	CU	99	CU76
19	CPX	CU	99	CU7
20	BG	CU	99	Cu103
21	A2D	KE	99	KER2003
22	01A1	CM	01	01CM_0001BBY
23	BG	CU	03	CB118
24	BG	ES	08	X2456_2
25	CPX	CM	02	1918LE
26	A5U	CD	02	02CD_MBT047
27	CPX	FR	04	04CD_KZ5
28	BF	BR	99	BREPM12609
29	BF	BR	01	BREPM16704
31	BC	BR	04	04BR142
32	06A6	EE	01	EE0369
33	01B	ID	07	JKT189_C
34	01B	TH	99	99TH_19699
35	AD	AF	07	169H
36	CPX	CM	00	00CMNYU830
37	CPX	CM	00	00CMNYU926
38	BF1	UY	03	UY03_3389
39	BF	BR	04	04BRJ179
40	BF	BR	05	05BRJ055
41	CD	TZ	05	C06577V5
42	BF	LU	03	luBF_01_03
43	02G	SA	03	J11223
44	BF	CL	08	CH80
45	CPX	FR	04	04FR_AUK
46	BF	BR	07	07BR_FPS625
47	BF	ES	08	P1942
48	01B	MY	07	07MYKT021
49	CPX	CM	03	N26677
50	A1D	GB	10	12702
51	01B	SG	11	11SG_HM021
52	01B	MY	03	03MYK018_1
53	01B	MY	11	11FIR164
54	01B	MY	09	09MYSB023
55	01B	CN	10	10HCS102056
56	CPX	FR	04	04FR_pat1ent_A
57	BC	CN	09	09YNLX195g
58	01B	MY	09	09MYPR37
59	01B	CN	09	09LNA423
60	BC	IT	11	BAV499
61	BC	CN	10	10L10010
62	BC	CN	10	YNFL13
63	02A	RU	10	10RU6637
64	BC	CN	09	YNFL31
65	CPX	CN	10	YNFL01
67	01B	CN	11	ANHUI_HF115
68	01B	CN	11	ANHUI_WH73
69	01B	JP	05	05JPMYC113SP420
70	BF1	BR	10	10BR_PE004
71	BF1	BR	10	10BR_PE008
72	BF1	BR	10	10BR_WG002
73	BG	DE	01	9196_01
74	01B	MY	10	10MYPR268
77	CPX	MY	14	14MYNB090
78	CPX	CN	13	YNTC19
79	0107	CN	15	S15DT013
82	CPX	MM	13	mSSDU12
83	CPX	MM	13	mSSDU94
85	BC	CN	14	14CN_SCYB2
86	BC	CN	13	13YNH518
87	CPX	CN	12	DH32
88	CPX	CN	05	05YHGL25sg
90	BF1	BR	11	BRG06643
0	CM	96	LA51YBF35
0	CM	96	LA52YBF39
0	CM	99	99CMU4122
0	CM	x	pcM02_3
0	ES	01	Rea025_HIV_Group0
0	FR	06	RBF206
0	GA	10	10GAb1190
0	GA	11	11GAb6352
0	SN	99	99SE MP1300
0	US	10	L7NP
0	CM	15	S4858
0	NR	11	NI_VR_2011
0	CP	CM	06	U14788
0	FR	09	RBF168
0	CPZ	TZ	06	TAN5
0	CPZ	US	85	US_Marilyn
0	GOR	CM	12	SIVgor_B01D2
0	GOR	CM	13	SIVgor_BP1D15

500
502
499
499
497
500
500
499
501
497
496
498
501
499
495
500
501
507
501
502
503
509
499
499
503
498
510
495
505
506
494
496
499
501
498
492
494
493
493
488
493
499
492
508
502
499
501
503
504
500
501
502
501
501
500
495
496
493
495
495
499
501
494
487
498
498
499
501
499
498
493
497
496
503
497
497
496
496
498
497
492
498
490
499
495
504
500
500
499
499
499
495
496
495
496
495

	Vpr binding	Vpr binding p6 end, Gag end
SRPE.....	PTAPPE...ESFRSG.....	VEITTT.PPQ...KQ...EPID...KE.....LYPLTSLRSLFGNDPSSQ*
A1.CD.02.LA01A1Pr	-----A-----VGM-----E-I-S-SP-----	-----OKE-----PP-I-K-----L---
A1.CM.08.886_24	-----M-----ICGM-----E-I-G-S-L-----	-----OK-R-Q-----VP-V-K-----L---
A1.EE.15.100_117	-----A-----LGM-----G-M-S-L-----	-----OK-----R-Q-----AP-V-K-----L---
A1.KE.11.DEMA11KE002	-----A-----ICGM-----E-I-S-SP-----	-----OK-R-----HP-SV-K-----LL**
A1.PK.15.PK034	-----L-----I-GMR-----E-I-A-S-P-----	-----ONS.RDQ-----NP-SV-K-----L---
A1.RW.11.DEMA11RW002	-----S-----V-----LLGM-----E-I-A-S-P-----	-----OR-R-Q-----GP-V-K-----L---
A1.SE.13.078SE	-----A-----DLLGM-----E-I-A-S-P-----	-----OK.RNW-----EP-SV-K-----S-L*W-
A1.UG.11.DEMA11UG009	-----T-----A-----I-GMR-----E-I-I-S-P-----	-----OSN.RDP-----SP-SV-K-----LL---
A2.CM.01.01CM_1445MV	-----T-----A-----NVGM-----E-I-A-SSS-----	-----LRN-R-Q-----HT-TI-----L---
A3.SN.01.DD1579	-----A-----DLLGM-----E-I-SSP-----	-----OK-R-----PP-V-----L---
A4.CD.97.97CD_KCC2	KGL-----A-----LGM-----G-I-SSL-----	-----IK.RDQ-----QS-I-K-----*---
A6.BY.13.PV85	-----S-----A-----NWGTG-----E-M-SL-----	-----OK-R-Q-----RP-SI-K-----L---
A6.IT.02.60000	-----A-----DLWM-----E-I-N-SL-----	-----OK-R-Q-----HP-AI-K-----L---
A6.RU.11.11RU6950	-----S-----A-----N-GM-----E-I-SL-----	-----OK-R-Q-----HP-SI-K-----L---
A6.UA.12.DEMA112UA024	-----S-----A-----N-GM-----E-I-I-SL-----	-----OK-R-Q-----RP-SV-K-----L---
B.AR.14.DEMB14AR003	-----A-----F-----E-I-S-----	-----R.OD-----V-K-----L---
B.BR.10.10BR_MG035	-----PTAPPA-----A-----F-----E-I-S-----	-----Q-----Q-----A-----K-----L---
B.CU.14.14CU005	N-L-----A-----GP-M-----E-I-S-----	-----GT-----D-----A-K-----LL---
B.DE.13.366396	-----A-----F-----E-I-S-----	-----SK-----L-----YP-----K-----L---
B.DE.13.947915	-----A-----F-----E-I-S-----	-----DQG-----QG-----A-K-----Q*
B.DO.11.DEMB11DR001	-----A-----APPE-----F-----E-I-S-----	-----QT-----E-----K-----S-----LL---
B.EE.15.100609	N-----M-----F-----E-I-S-----	-----V-----V-----K-----K-----L---
B.FR.11.DEMB11FR001	-----M-----F-----E-I-S-----	-----QTE-----K-----K-----*---
B.JP.12.DEMB12JP001	-----L-----A-----APPE-----F-----E-K-E-S-----	-----M-----Q-----A-K-----*---
B.PH.15.DEMB15PH003	-----L-----A-----GF-----E-I-S-----	-----M.RDRDKE-----P-FA-----L---
B.RU.11.11RU21n	N-T-----A-----F-----E-I-S-----	-----MM-----V-----A-K-----L---
B.SE.15.1025E	-----S-----RPE-----A-----F-----E-I-S-----	-----T-----T-----V-A-----K-----L---
B.TH.10.DEMB10TH002	-----S-----RPE-----A-----F-----E-I-S-----	-----K-----K-----M-A-K-----E---
B.US.16.2609	-----C-----BR.11.DEMC11BR035	-----A-----F-----E-I-SP-----
C.CN.10.YNFL19	N-T-----A-----F-----EET-----S-----	-----QEN-----D-----K-S-L-----
C.DE.10.622166	N-----PTAPPAAE-----A-----I-GF-----HAP-----E-----	-----GSK-R-----A-K-S-----LL---
C.EE.15.100_118	-----PTAPPAESFRPA-----A-----F-----E-I-SL-----	-----OR-----KE-----GP-----YQE-----A-K-----S-----L---
C.EE.08.EE104	N-T-----A-----D-----F-----E-LAP-----K-----	-----SK-----Q-----SI-----K-----S-----L---
C.IN.15.NIRT008	N-----T-----PTAPPLE-----A-----S-----	-----AL-----AL-----OK-R-----SI-K-----L---
C.MW.09.703010256_CH256.w96	-----T-----A-----KF-----E-I-S-----	-----TP-----TP-----K-R-----A-K-S-----W---
C.NG.10.10NG020523	-----N-----A-----KF-----E-I-S-----	-----AP-----AP-----OK-R-----A-K-S-----L---
C.NP.11.11NP016	-----C-----PK.14.DEMC14PK009	-----A-----F-----E-I-S-----
C.PK.14.DEMC14PK009	-----PTAPT-----A-----KF-----E-I-S-----	-----L-----L-----OK-R-----K-S-----L---
C.SE.15.100ET	N-T-----A-----EF-----E-I-S-----	-----H-P-----H-P-----OKN-R-----T-----K-S-----L---
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	N-T-----PTAPPLQSRPE-----A-----F-----E-I-S-----	-----A-FAP-----A-FAP-----K-R-----K-----S-----L---
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	-----ZA.13.DEMC13ZA152	-----A-----F-----E-I-S-----
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-----ATAPLQ-----A-----F-----E-I-S-----	-----P-AP-----P-AP-----LR-RD-----P-I-K-----S-----L---
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-----ZM.11.DEMC11ZM006	-----A-----F-----E-I-S-----
D.BR.10.10BR_R3095	-----D.BR.10.10BR_R3095	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.CD.03.LA17M06	D.CM.10.DEMD10CM009	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.CM.10.DEMD10CM009	D.CY.06.CY163	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.CY.06.CY163	D.KE.11.DEMD11KE003	-----A-----LGF-----E-I-S-----
D.KE.11.DEMD11KE003	D.SE.12.077UG	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.SE.12.077UG	D.TZ.04.C06405V4	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.TZ.04.C06405V4	D.UG.10.DEMD10UG004	-----A-----C-GF-----E-I-S-----
D.UG.10.DEMD10UG004	D.UG.11.DEMD11UG003	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.UG.11.DEMD11UG003	D.YE.02.02YE516	-----A-----GF-----E-I-S-----
D.YE.02.02YE516	F1.A0.06.A0_06_ANG32	-----A-----GFR-----E-M-P-----P-----
F1.A0.06.A0_06_ANG32	F1.AR.02.ARE933	-----A-----GFR-----E-I-SP-----
F1.AR.02.ARE933	F1.BR.11.DEMF11BR037	-----T-----A-----C-GFR-----E-I-AP-----
F1.BR.11.DEMF11BR037	F1.CY.08.CY22	-----S-----A-----GFK-----E-I-S-----
F1.CY.08.CY22	F1.EE.11.VA0053_nfl	-----S-----A-----GFK-----E-I-S-----
F1.EE.11.VA0053_nfl	F1.FR.04.LA22LeRe	-----A-----GFR-----E-I-SP-----
F1.FR.04.LA22LeRe	F1.R0.03.LA20DuCl	-----NONRPE-----S-----A-----GFR-----E-I-SP-----
F1.R0.03.LA20DuCl	F1.RU.08.D88_845	-----L-----S-----A-----GF-----E-I-SP-----
F1.RU.08.D88_845	F2.CM.10.DEMF210CM007	-----N-----A-----GF-----E-I-SP-----
F2.CM.10.DEMF210CM007	F2.CM.11.DEURF11CM026	-----F2.CM.11.DEURF11CM026
F2.CM.11.DEURF11CM026	G.CD.03.LA23Ied	-----N-----A-----LGF-----E-I-A-AP-----
G.CD.03.LA23Ied	G.CM.08.789_10	-----N-----A-----LGF-----E-I-A-T-----EP-----
G.CM.08.789_10	G.CM.10.DEMG10CM008	-----N-----A-----LGF-----E-I-A-N-----
G.CM.10.DEMG10CM008	G.CN.08.GX_2084_08	-----N-L-----A-----GF-----E-I-SP-----
G.CN.08.GX_2084_08	G.CN.16.224GX	-----N-L-----A-----LGF-----E-I-SP-----
G.CN.16.224GX	G.EE.14.EUR_0033	-----N-L-----A-----GF-----E-I-APSSP-----
G.EE.14.EUR_0033	G.GE.08.A57LmNe	-----N-L-----A-----GF-----E-I-SSP-----
G.GE.08.A57LmNe	G.KE.09.DEMG09KE001	-----N-----A-----GL-----E-I-A-SP-----
G.KE.09.DEMG09KE001	G.NG.12.12NG060409	-----N-----A-----GF-----K-I-A-LP-----
G.NG.12.12NG060409	H.CD.04.LA19KoSa	-----T-----A-----GF-----E-M-N-SL-----
H.CD.04.LA19KoSa	H.CF.02.LA25LeM1	-----T-----A-----GF-----E-M-SP-----
H.CF.02.LA25LeM1	J.CD.03.LA26D1An	-----J.CD.03.LA26D1An
J.CD.03.LA26D1An	J.CM.04.04CMU11421	-----J.CM.04.04CMU11421
J.CM.04.04CMU11421	K.CD.97.97ZR_E0TB11	-----K.CD.97.97ZR_E0TB11
K.CD.97.97ZR_E0TB11	K.CM.96.96CM_MP535	-----K.CM.96.96CM_MP535
K.CM.96.96CM_MP535	01.AE.CM.11.1156_26	-----01.AE.CM.11.1156_26
01.AE.CM.11.1156_26	01.AE.CM.12.DE0012CM011	-----T-----A-----LGM-----E-I-SL-----
01.AE.CM.12.DE0012CM011	01.AE.IR.10.10IR_THR48F	-----S-----A-----NWGM-----E-I-A-SST-----EH-----
01.AE.IR.10.10IR_THR48F	01.AE.JP.11.DE0011JP003	-----L-----A-----NWGM-----E-I-SSL-----
01.AE.JP.11.DE0011JP003	01.AE.MM.14.fksDU26	-----01.AE.MM.14.fksDU26
01.AE.MM.14.fksDU26	01.AE.PH.15.DE0015PH012	-----01.AE.PH.15.DE0015PH012
01.AE.PH.15.DE0015PH012	01.AE.SE.12.0765E	-----01.AE.SE.12.0765E
01.AE.SE.12.0765E	01.AE.TH.10.DEB0110TH001	-----PTAPLE-----A-----NWGHE-----G-A-S-L-----
01.AE.TH.10.DEB0110TH001	01.AE.TH.11.40436v09_04	-----01.AE.TH.11.40436v09_04
01.AE.TH.11.40436v09_04	01.AE.TH.90.CM240	-----01.AE.TH.90.CM240
01.AE.TH.90.CM240	02.AG.CM.10.DE00210CM013	-----02.AG.CM.10.DE00210CM013
02.AG.CM.10.DE00210CM013	02.AG.DE.09.701114	-----T-----A-----I-GV-----E-I-S-P-----
02.AG.DE.09.701114	02.AG.KR.12.12MHR11_10746	-----Q-----A-----NLGM-----E-I-SP-----
02.AG.KR.12.12MHR11_10746	02.AG.KR.12.12MHR9	-----02.AG.KR.12.12MHR9
02.AG.KR.12.12MHR9	02.AG.LR.x.P0C44951	-----02.AG.LR.x.P0C44951
02.AG.LR.x.P0C44951	02.AG.NG.12.12NG060304	-----02.AG.NG.12.12NG060304
02.AG.NG.12.12NG060304	02.AG.NG.x.IBNG	-----02.AG.NG.x.IBNG
02.AG.NG.x.IBNG	02.AG.PK.15.PK032	-----02.AG.PK.15.PK032
02.AG.PK.15.PK032	02.AG.SE.14.098GN	-----Q-----A-----TWGMR-----E-I-L-P-----
02.AG.SE.14.098GN		-----R-----L-----YP-----K-----*---

Table with columns: Pol start (Pol start), Gag-Pol TF start, Gag-Pol TF end, protease start, and a list of protein identifiers with their amino acid sequences and positions. The table lists numerous HIV-1 and SIV cpz proteins, including gag, pol, and accessory proteins like vif, vpr, vpx, and vifv.

	Pol start Gag-Pol TF start		Gag-Pol TF end protease start	
B. FR. 83. HXB2	FFREDLAFLLQ	... GKAREFSEQTR	... ANSPTR	... RELQVW
02 AG. SN. 13. 9580	---	N - 0	E -	N - TISSEQDR
03 AB. RU. 97. KAL153 2	---	N - 0	R - K	---
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3	---	NV - 0	RE - K	---
05 DF. BE. x. VT1310	---	S - P	E -	LPP - A
98 cpx. AU. 96. BF99 0	---	N - 0	E -	---
07 BC. CN. 98. 98CN009	---	N - LP	E -	---
08 BC. CN. 97. 97CNX 6F	---	I - P	E - PP	---
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	---	N - 0	RE - L - X - G	---
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	---	N - 0	R - LP	---
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	---	N - 0	E - K - P - A	---
12 BF. AR. 99. ARNA159	---	N - 0	RE - K - P - A	---
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	---	N - 0	RE -	TNSPTREQTR
14 BG. ES. 05. X1870	---	N - 0	E - P - A	---
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	---	T -	I - S	---
16 A2D. KR. 97. 97KR084	---	N - P	RE -	---
17 BF. AR. 99. ARMA938	---	N - 0	E - K - P - N	---
18 cpx. CU. 99. CU76	---	N - 0	E - G - R	---
19 cpx. CU. 99. CU7	---	N - P	E - KLP	---
20 BG. CU. 99. Cu103	---	T - P	E -	---
21 A2D. KE. 99. KER2003	---	N - 0	E - G - L - V	---
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	---	N - 0	E - L - G	---
23 BG. CU. 03. CB118	---	T - P	E -	---
24 BG. ES. 08. X2456 2	---	T - P	E - G - L - A	---
25 cpx. CM. 02. 1918LE	---	---	RE - L - P - A	---
26 A5U. CD. 02. 02CD MBT047	---	I - S - P	---	VS
27 cpx. FR. 04. 04CF TR K25	---	N - VS	RE - P - A	---
28 BF. BR. 99. BREPM12609	---	N - P	E - K - P - A	---
29 BF. BR. 01. BREPM16704	---	N - P	E - P - A	---
31 BC. BR. 04. 04BR142	---	N - P	E - PP	ANSPASEQTR
32 06A6. EE. 01. EE0369	---	N - 0	E - L - A	---
33 01B. ID. 07. JKT189 C	---	A -	LP - KP	---
34 01B. TH. 99. 99TH1969P	---	N - 0	E -	---
35 AD. AF. 07. 169H	---	N - 0	RE - K - G	---
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	---	N - 0	E -	---
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	---	N - 0	RE - K - P - A	---
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	---	N - P	E - GK - P - G	---
40 BF. BR. 04. 04BR1379	---	N - 0	E - P - N - ANS	---
41 BF. BR. 05. 05BR1955	---	S -	E - P - A	---
41 CD. TZ. 05. CO6577V5	---	P -	E - P - V - ANSSGQAR	---
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03	---	N -	E - K - PP - A - AKAR	---
43 02G. SA. 03. J11223	---	N - P	E - LP - A	---
44 BF. CL. 08. CH89	---	N - 0	E - K - P - A	---
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	---	N - 0	RE - L - G	---
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	---	N - 0	E - K - P - A	---
47 BF. ES. 08. P1942	---	N - 0	E - P - A	---
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	---	KA - P	E - LY	---
49 cpx. CM. 03. N26677	---	N - P	E - P - P	---
50 A1D. GB. 10. 12702	---	N - P	R -	---
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	---	N - P	E - G -	---
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	---	N - 0	R - G	---
53 01B. MY. 11. 11FIR164	---	A - XP	E - X - LP - XP	---
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	---	N - LP	E - L	---
55 01B. CN. 10. HNC5102056	---	AV - 0	E - GK - G	---
56 01B. FR. 10. HNC5102056	---	AV - 0	E - GK - G	---
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	---	AV - P	E - K - P	---
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	---	I - S - 0	RE - LP - XP	---
59 01B. CN. 09. 09LNA423	---	N -	R - K - PK	---
60 BC. IT. 11. BAV499	---	N - P	E - K - PP - G	---
62 BC. CN. 10. 100010	---	N - 0	E - PP - G	---
62 BC. CN. 10. YNFL13	---	N - P	E - K - PK - A	---
63 02A. RU. 10. 10RU6637	---	T - 0	RE - K	---
64 BC. CN. 09. YNFL31	---	N - LP	E -	---
65 cpx. CN. 10. YNFL01	---	N - P	E - PP	---
67 01B. CN. 11. ANHU1 HF115	---	N - 0	X - X - X	---
68 01B. CN. 11. ANHU1 WH73	---	N - 0	X -	---
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420	---	N - P	E -	---
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	---	K - N - P	E - KK - Y - A	---
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	---	NV - 0	E - K - P - D	---
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	---	N - 0	RE - LP - NG	---
73 BG. DE. 01. 9196 01	---	N - 0	E - P - P - A	---
74 01B. MY. 10. 10MYPR268	---	A - P	E - LP - KP	---
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090	---	KT - P	E - LP	---
78 cpx. CN. 13. YNCT19	---	KN - P	E -	ANSPTRSASEQAR
79 0107. CN. 15. S95DT013	---	TV - 0	E -	---
82 cpx. MM. 13. mSSDU12	---	KN - XP	E - PP - N	---
83 cpx. MM. 13. mSSDU94	---	N - P	E - PP	---
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2	---	N - P	E - PP	---
86 BC. CN. 13. 15YNH518	---	N - P	E - PP	---
87 cpx. CN. 12. DH32	---	O - P	E - P	---
88 BF1. BR. 11. BRG060643	---	N - 0	H - SS	---
0. CM. 96. LA51YBF35	---	PI - SGG	HE - OL - A - TSV	---
0. CM. 96. LA52YBF39	---	I - SGG	HE - OLCA - TST	---
0. CM. 99. CMU4122	---	I - SGG	HE - OLCT - TST	---
0. CM. x. pCM02 3	---	I - SGG	HE - OLCT - TSA	---
0. ES. 01. Res025 HIV_Group0	---	QI - SGG	HE - OLCA - TSG	---
0. FR. 06. RBF296	---	I - SGG	HE - OLCA - TSV	---
0. GA. 10. 10Gabl190	---	V - SWG	HE - OLCA - TSV	---
0. GA. 11. 11Gabl6352	---	QI - SGG	HE - OLCA - TSV	---
0. SN. 99. 99SE MP1300	---	I - SGG	HE - OLCT - TSA	---
0. US. 10. LTNP	---	QV - SGG	HE - OLCT - TSG	---
N. FR. 11. S4858	---	N - P	RET - KLPPDNMNER	---
N. FR. 11. PR 2011	---	KS - VS - H	RET - KLPPDNMNER	---
P. CM. 06. U14788	---	---	SGG - QE - OLCT - TST	---
P. FR. 09. RBF168	---	K - SWG	QE - OLCT - TST	---
CPZ. TZ. 06. TAN5	---	---	THPLVG - VQT - LCA - HP - EREE	---
CPZ. US. 85. US Marilyn	---	---	T - VPIVERGIKET - LPKG - EG	---
GOR. CM. 12. SIVgor B01D2	---	---	-V - SGG - HE - OLCA - AST	---
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1D15	---	---	-N - SGG - HE - OLCA - ASA	---

	protease end_p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N ⁺	D110 catalytic site
B. FR. 83. HXB2	IGTVLVGPTPVNIIGRNLLTIGCTLNFPISPIETVPVKMGDMPKVKQWLPEEKIKALVEICTEMEKGKISKIPENPYNTVPVFAIKKDKTKWRKLVDFRELNKRQTDFWEVQLGPHPAGL	-----M-----L-----T-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
02 AG. SN. 13. 9580	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
04 cpx. CY. 94. 94CY032 3	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
05 DF. BE. x. VI1310	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
98 cpx. AU. 96. BF909	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
14 BG. ES. 05. X1870	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
16 A2D. KR. 97. 97KR084	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
17 BF. AR. 99. ARMA938	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
18 cpx. CU. 99. CU76	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
19 cpx. CU. 99. CU7	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
20 BG. CU. 99. Cu103	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
21 A2D. KE. 99. KER2003	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
23 BG. CU. 03. CB118	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
24 BG. ES. 08. X2456 2	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
25 cpx. CM. 02. 1918LE	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
26 A5U. CD. 02. 02CD MBT047	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
28 BF. BR. 99. BREPM12609	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
29 BF. BR. 01. BREPM16704	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
31 BC. BR. 04. 04BR142	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
32 06A6. EE. 01. EE0369	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
33 01B. ID. 07. JKT189 C	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
34 01B. TH. 99. TH1969P	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
35 AD. AF. 07. 169H	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
39 BF. BR. 04. 04BR1379	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
40 BF. BR. 05. BR1055	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
41 CD. TZ. 05. C06577V5	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
43 02G. SA. 03. J11223	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
44 BF. CL. 08. CH80	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
47 BF. ES. 08. P1942	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
49 cpx. CM. 03. N26677	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
50 A1D. GB. 10. 12702	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
53 01B. MY. 11. 11FIR164	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
55 01B. CN. 10. HNC5102056	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
56 01B. FR. 10. HNC5 patient_A	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
59 01B. CN. 09. 09LNA423	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
60 BC. IT. 11. BAV499	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
61 BC. CN. 10. 100010	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
62 BC. CN. 10. YNFL13	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
63 02A. RU. 10. 10RU6637	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
64 BC. CN. 09. YNFL31	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
65 cpx. CN. 10. YNFL01	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
73 BG. DE. 01. 9196 01	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
74 01B. MY. 10. 10MYPR268	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
78 cpx. CN. 13. YNTC19	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
79 0107. CN. 15. S55DT013	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
82 cpx. MM. 13. mSSDU12	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
83 cpx. MM. 13. mSSDU94	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
85 BC. CN. 14. 14CN SCYB2	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
86 BC. CN. 13. 15YNH518	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
87 cpx. CN. 12. DH32	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
88 BC. CN. 05. 05YHNL 25sg	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
89 BF1. BR. 11. BRG06643	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. CM. 96. LA51YBF35	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. CM. 96. LA52YBF39	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. CM. 99. 99CMU4122	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. CM. x. pCM02 3	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. ES. 01. Rea25 HIV_Group0	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. FR. 06. RBF206	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. GA. 10. 10Gabb1190	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. GA. 11. 11Gabb6352	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. SN. 99. 99SE MP1300	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. US. 10. LTNP	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
0. CM. 15. S4858	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
N. FR. 11. N1. FR 2011	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
P. CM. 06. U14788	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
P. FR. 09. RBF168	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
CPZ. TZ. 06. TAN5	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
CPZ. US. 85. US Marilyn	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----
GOR. CM. 13. SIVgor_BPID15	-----M-----L-----T-----	-----L-----T-----K-----	-----I-----R-----I-----	-----K-----Q-----T-----

	polymerase motif M184V ^L	K219Q T215Y ^L				
B. FR. 83. HXB2	RYQYNYLPGQWGKSPAIQFSQMTKILEPFRKQNPDLVZYQYQMDLVVGSDEIQGHRKIEELRQHLRWGLTTPDKKHQKPPFLWGMYGLHPDKWTVPQVILPEKDSWTVNDIQVLKGLNWSAQIYPGIKVROLKLLRGTKALTEVILPTEEALELAENREILK		A	TK	I C I	E A E F F Q Q A K A DIVT
02 AG.SN.13.9580						474
03 AB.RU.97.KAL153.2						466
04 cpx.CY.94.94CY032.3						465
05 DF.BE.x.VT1310						466
06 cpx.AU.96.BF909						468
07 BC.CN.98.98CN009						466
08 BC.CN.97.97CNGX.6F						462
09 cpx.GH.96.96GH2911						465
10 CD.TZ.96.96T2.BF061						465
11 cpx.CM.95.95CM.1816						464
12 BF.AR.99.ARMA159						466
13 cpx.CM.96.96CM.1849						473
14 BG.ES.05.X1870						465
15 01B.TH.99.99TH.MU2079						465
16 A2D.KR.97.97KR084						466
17 BF.AR.99.ARMA038						466
18 cpx.CU.99.CU76						464
19 cpx.CU.99.CU7						465
20 BG.CU.99.Cu103						462
21 A2D.KE.99.KE2003						465
22 01A1.CM.01.01CM.0001BBY						466
23 BG.CU.03.CB118						462
24 BG.ES.08.X2456.2						462
25 cpx.CM.02.1918LE						465
26 A5U.CD.02.02CD.MBT047						464
27 cpx.FR.05.05CD.FR.KZ5						464
28 BF.BR.99.BREPM12609						466
29 BF.BR.01.BREPM16704						466
31 BC.BR.04.04BR142						472
32 06A6.EE.01.EE0369						466
33 01B.ID.07.JKT1809						466
34 01B.TH.99.01BR1969F						466
35 AD.AF.07.169H						465
36 cpx.CM.00.00CMNYU830						466
37 cpx.CM.00.00CMNYU926						466
38 BF1.UY.03.UY03.3389						470
39 BF.BR.04.04BR1379						469
40 BF.BR.05.05BR13055						466
41 CD.TZ.05.C06577V5						473
42 BF.LU.03.luBF.01.03						470
43 02G.SA.03.J11223						465
44 BF.CF.00.ch80						466
45 cpx.FR.04.04FR.AUK						466
46 BF.BR.07.07BR.FPS625						466
47 BF.ES.08.P1942						465
48 01B.MY.07.07MYKT021						466
49 cpx.CM.03.N26677						463
50 A1D.GB.10.12702						464
51 01B.SG.11.11SG.HM021						466
52 01B.MY.03.03MYKL018.1						466
53 01B.MY.11.11FIR164						466
54 01B.MY.09.09MYSB023						466
55 01B.CN.10.HNC5102056						466
56 01B.FR.10.pat1ent_A						466
57 BC.CN.09.09YNLX19sg						462
58 01B.MY.09.09MYPR37						466
59 01B.CN.09.09LNA423						463
60 BC.IT.11.BAV499						461
61 BC.CN.10.11.190010						462
62 BC.CN.10.YNFL13						462
63 02A.RU.10.10RU6637						466
64 BC.CN.09.YNFL31						466
65 cpx.CN.10.YNFL01						462
67 01B.CN.11.ANHUI.HF115						464
68 01B.CN.11.ANHUI.WH73						464
69 01B.JP.05.05JPMYC113SP420						464
70 BF1.BR.10.10BR.PE004						468
71 BF1.BR.10.10BR.PE008						466
72 BF1.BR.10.10BR.MG002						467
73 BG.DE.01.9196.01						466
74 01B.MY.10.10MYPR268						466
77 cpx.MY.14.14MYNB0090						452
78 cpx.CN.13.YNTC19						475
79 0107.CN.15.S5D5DT013						466
82 cpx.MM.13.mSSDU12						462
83 cpx.MM.13.mSSDU94						462
85 BC.CN.14.14CN.SCYB2						462
86 BC.CN.13.13YNH518						462
87 cpx.CN.12.DH32						462
88 01B.CN.05.05YHCL25sg						462
89 BF1.BR.11.BRG06643						466
0.CM.96.LA51YBF35						467
0.CM.96.LA52YBF39						462
0.CM.99.99CMU4122						462
0.CM.x.pCM02.3						460
0.E5.01.Real25.HIV_Group0						461
0.FR.06.RBF206						464
O.GA.10.10GAb1190						461
O.GA.11.11GAb6352						462
O.SN.99.99SE.MP1300						462
O.US.10.LTNP						462
N.CM.15.S4858						473
N.FR.11.NI.FR.2011						473
P.CM.06.U14788						463
P.FR.09.RBF168						462
CPZ.TZ.06.TAN5						462
CPZ.US.85.US.Marilyn						468
GOR.CM.12.SIVgor.B0ID2						462
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15						461

p51 RT end_p15 RNase H start

Table of HIV-1/SIV cpz Proteins sequences. Columns include accession numbers (e.g., B. FR. 83. HXB2), amino acid sequences (e.g., N-...-EH...), and residue numbers (e.g., 632, 633, 634).

p66 RT, p15 RNase H end_p31 Integrase start

B. FR. 83. HXB2	AIYVLALQDSGLVENVITVDSQYALGIIAQPDQSESELVNIQIEQLIKKQKYVLAWPAAHKGGIGGQVQDKLVSGAGIRVLFVLDGDKAQD	.EHEKYHSMWRAMASDFNLPVVAKEIVASCDKCLQKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEKGVILVAVHVASGYIEAEVI	804
A1. CD. 02. LA01A1Pr	--Q-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	F-----D-----R-----T-----V-----I-----	801
A1. CM. 08. 886 24	--H-----P-----K-----D-----K-----E-----D-----I-----S-----	D-----D-----T-----E-----I-----I-----	801
A1. ES. 15. 100 117	-----S-----R-----R-----A-----K-----G-----D-----I-----S-----	-----S-----K-----I-----	804
A1. KE. 11. DEMA111KE002	--H-----S-----T-----R-----A-----K-----G-----D-----I-----S-----	-----D-----R-----K-----G-----D-----I-----I-----	803
A1. PK. 15. PK034	-----S-----T-----R-----A-----K-----G-----D-----I-----S-----	-----D-----R-----K-----G-----D-----I-----I-----	804
A1. RW. 11. DEMA111RW002	--L-----S-----T-----R-----D-----A-----V-----K-----E-----D-----I-----S-----	-----D-----R-----K-----G-----D-----I-----I-----	804
A1. SE. 13. 0785E	-----S-----V-----R-----D-----K-----M-----E-----D-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----M-----E-----D-----I-----I-----	804
A1. UG. 11. DEMA110UG009	--H-----S-----V-----R-----D-----K-----G-----D-----I-----S-----	-----S-----R-----N-----T-----H-----I-----I-----	804
A2. CM. 01. 01CM 1445MV	-----S-----R-----D-----I-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----S-----R-----R-----T-----H-----I-----I-----	804
A3. SN. 01. DDI579	--H-----S-----D-----I-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----S-----R-----R-----T-----H-----I-----I-----	803
A4. CD. 97. 97CD KCC2	-----S-----I-----I-----K-----E-----F-----I-----S-----	-----S-----R-----R-----T-----H-----I-----I-----	804
A6. BY. 13. PV85	--H-----S-----R-----I-----K-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----N-----N-----K-----K-----I-----I-----	805
A6. IT. 02. 60000	--H-----X-----R-----A-----V-----K-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----K-----K-----I-----I-----	804
A6. RU. 11. 11RU6950	--H-----S-----P-----I-----K-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----N-----Q-----R-----E-----I-----I-----	804
A6. UA. 12. DEMA112UA024	--H-----S-----S-----D-----I-----K-----K-----E-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----K-----K-----I-----I-----	804
B. BR. 14. DEMB14AR003	--I-----S-----K-----S-----N-----I-----	-----I-----I-----I-----I-----I-----	804
B. BR. 10. 10BR MG035	--H-----S-----K-----S-----N-----I-----	-----D-----N-----I-----I-----I-----	810
B. CU. 14. 14CU005	--Q-----H-----H-----K-----S-----D-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
B. DE. 13. 366396	--H-----P-----R-----R-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	805
B. DE. 13. 947915	--H-----S-----R-----R-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
B. DO. 11. DEMB11DR001	--H-----S-----T-----R-----R-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	807
B. ES. 15. 100686	--H-----S-----T-----R-----R-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
B. FR. 11. DEMB11FR001	--H-----L-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
B. JP. 12. DEMB12JP001	--H-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	807
B. PH. 15. DEMB15PH003	--H-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	801
B. RU. 11. 11RU21n	--H-----S-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	808
B. SE. 15. 1025E	-----S-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
B. TH. 10. DEMB10TH002	--H-----S-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	808
B. US. 16. 2609	--Q-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
C. BR. 11. DEMC11BR035	--Q-----S-----K-----T-----S-----L-----N-----R-----S-----	-----I-----N-----D-----D-----S-----N-----E-----I-----	800
C. CN. 10. YNFL19	--Q-----S-----K-----T-----S-----L-----N-----R-----S-----	-----I-----N-----D-----D-----S-----N-----E-----I-----	804
C. DE. 10. 622166	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	807
C. ES. 15. 100 118	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	809
C. ET. 08. ET104	--Q-----S-----K-----D-----I-----Q-----R-----I-----S-----	-----N-----N-----D-----D-----N-----E-----I-----	804
C. IN. 15. NIRT008	--Q-----S-----K-----D-----I-----Q-----R-----I-----S-----	-----N-----N-----D-----D-----N-----E-----I-----	800
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	802
C. NG. 10. 10NG020523	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	800
C. NP. 11. 11NP016	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	800
C. PK. 14. DEMC14PK009	--Q-----P-----K-----K-----S-----N-----R-----I-----S-----	-----P-----S-----V-----R-----D-----D-----N-----E-----I-----	800
C. SE. 15. 100ET	--H-----S-----K-----K-----I-----N-----R-----R-----R-----S-----	-----H-----H-----N-----N-----D-----E-----G-----I-----S-----	805
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8	--Q-----S-----H-----K-----K-----I-----N-----R-----R-----R-----S-----	-----H-----H-----N-----N-----D-----E-----G-----I-----S-----	800
C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5	--Q-----S-----K-----K-----I-----N-----R-----R-----R-----S-----	-----H-----H-----N-----N-----D-----E-----G-----I-----S-----	811
C. ZA. 13. DEMC13ZA152	--Q-----S-----K-----K-----I-----N-----R-----R-----R-----S-----	-----H-----H-----N-----N-----D-----E-----G-----I-----S-----	807
C. ZM. 11. DEMC11ZM006	--Q-----S-----K-----K-----I-----N-----R-----R-----R-----S-----	-----H-----H-----N-----N-----D-----E-----G-----I-----S-----	805
D. BR. 10. 10BR R3095	--N-----S-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	802
D. CD. 03. LA1 7M050	--N-----P-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	809
D. CM. 10. DEMD10CM009	--N-----P-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	809
D. CY. 06. CY163	--N-----P-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
D. KE. 11. DEMD11KE003	--N-----P-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
D. SE. 12. 077UG	--N-----P-----K-----K-----S-----I-----D-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	802
D. TZ. 04. C06405v4	--N-----S-----K-----D-----I-----Q-----R-----I-----S-----	-----N-----K-----D-----D-----N-----E-----I-----	803
D. UG. 10. DEMD10UG004	--N-----S-----K-----D-----I-----Q-----R-----I-----S-----	-----N-----K-----D-----D-----N-----E-----I-----	803
D. UG. 11. DEMD11UG003	--N-----S-----K-----D-----I-----Q-----R-----I-----S-----	-----N-----K-----D-----D-----N-----E-----I-----	805
D. YE. 02. 02YE516	--N-----S-----K-----V-----S-----I-----D-----	-----N-----Q-----D-----D-----N-----E-----I-----	805
F1. A0. 06. A0 06 ANG32	--V-----H-----S-----K-----K-----I-----Q-----R-----S-----	-----I-----I-----D-----D-----N-----E-----I-----	808
F1. AR. 02. ARE933	--O-----A-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
F1. BR. 11. DEMF11BR037	--H-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
F1. CY. 08. CY22	--Q-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
F1. ES. 11. VA0053 nfl	--Q-----I-----A-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
F1. FR. 04. LA22LeRe	--VH-----S-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	805
F1. RO. 03. LA20DuCl	-----S-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	806
F1. RU. 08. D88 845	-----S-----S-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	804
F2. CM. 10. DEMF210CM007	--Q-----S-----L-----H-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	803
F2. CM. 11. DEURF11CM026	--Q-----S-----L-----H-----K-----K-----V-----S-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----E-----I-----C-----Q-----I-----	798
G. CD. 03. LA23Ied	--N-----P-----R-----R-----V-----K-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	803
G. CM. 08. 789 10	--NV-----S-----R-----R-----R-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	801
G. CM. 10. DEMG10CM008	--N-----P-----K-----K-----I-----X-----X-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	803
G. CN. 08. GX 2084 08	--O-----W-----S-----R-----R-----R-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	808
G. CN. 16. 224GX	--O-----W-----S-----R-----R-----R-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	802
G. ES. 14. EUR 0033	--O-----I-----S-----R-----R-----R-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	802
G. GU. 08. A57LmNe	--O-----I-----S-----R-----R-----R-----R-----R-----S-----	-----D-----D-----N-----C-----I-----I-----	802
G. KE. 09. DEMG09KE001	--Q-----S-----R-----D-----K-----R-----R-----I-----S-----	-----R-----R-----K-----K-----I-----I-----	802
G. NG. 12. 12NG060409	--Q-----S-----R-----D-----K-----R-----R-----I-----S-----	-----R-----R-----K-----K-----I-----I-----	799
H. CD. 04. LA19KoSa	-----E-----K-----K-----I-----F-----F-----S-----	-----R-----R-----N-----N-----I-----I-----	802
H. CF. 02. LA25LeM1	-----K-----K-----I-----F-----F-----S-----	-----R-----R-----N-----N-----I-----I-----	802
J. CD. 03. LA26d1An	-----L-----X-----X-----A-----K-----K-----S-----F-----F-----R-----S-----	-----R-----R-----N-----N-----I-----I-----	802
J. CM. 04. 04CMU11421	--L-----X-----X-----A-----K-----K-----S-----F-----F-----R-----S-----	-----R-----R-----N-----N-----I-----I-----	800
K. CD. 97. 97ZR E0TB11	--H-----S-----S-----K-----K-----D-----R-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----N-----I-----I-----	804
K. CM. 96. 96CM MP535	--C-----S-----S-----K-----K-----D-----R-----R-----I-----S-----	-----D-----D-----N-----N-----I-----I-----	804
01. AE. CM. 11. 1156 26	--H-----P-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	803
01. AE. CN. 12. DE00112CN011	--H-----L-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	802
01. AE. IR. 10. 10TR THR48F	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	796
01. AE. JP. 11. DE00111JP003	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	802
01. AE. MM. 14. fKSDU26	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
01. AE. PH. 15. DE00115PH012	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	802
01. AE. SE. 12. 0705E	--H-----G-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	797
01. AE. TH. 10. DE00110TH001	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
01. AE. TH. 11. 40436v09_04	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	800
01. AE. TH. 90. CM240	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	809
02. AG. CM. 10. DE00210CM013	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. DE. 09. 701114	--H-----E-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. KR. 12. 12MHR11 10746	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. KR. 12. 12MHR9	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	808
02. AG. LR. x. POC44951	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. NG. 12. 12NG060304	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. NG. x. IBNG	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	804
02. AG. PK. 15. PK032	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	803
02. AG. SE. 14. 098GN	--H-----S-----R-----R-----I-----K-----E-----I-----S-----	-----R-----R-----T-----T-----I-----I-----	803

Table listing HIV-1/SIVcpz proteins and their amino acid sequences. Headers include protein names like PAETGQETAYFLKLAGRVPKTIHTDNGSNFTGATYRAACWAGIKOEFGIPYNPQSQGVVSMNKELKKIIGQVRDQAEHLKTAVQMAVFIHNFKRKGGIGGYSAGERIVDIIATDIQTKEKQKQITKIQNFRVYRDNRNPLWKGPAKLLWKGEGAVVIQDNSDIKV and amino acid sequences such as -I-V-S-A-K-DVT, -I-V-I-S-A-K-DVT, -I-V-I-S-A-K-DVT, etc.

	p31 Integrase end Pol end	
B.FR.83.HXB2	VPRRKAKIIRDYGKQMGAGDCCVASRQDED.....*	1003
A1.CD.02.LA01A1Pr	-----G-----	1001
A1.CM.08.886_24	-----G-----	1004
A1.ES.15.100_117	-----G-----	1004
A1.KE.11.DEMA111KE002	-----LKH-----V-----G-----	1003
A1.PK.15.PK034	-----K-----V-----G-----	1004
A1.RW.15.DEMA111RW002	-----V-----G-----	1004
A1.SE.13.078SE	-----G-----	1004
A1.UG.11.DEMA110UG009	-----G-----	1004
A2.CM.01.01CM_1445MV	-----V-----G-----	1004
A3.SN.01.DDI579	I-----G-----	1003
A4.CD.97.97CD_KCC2	-----G-----	1004
A6.BY.13.PV85	-----G-----	1005
A6.IT.02.60000	-----X-----	1004
A6.RU.11.11RU6950	-----G-----	1004
A6.UA.12.DEMA112UA024	-----G-----	1004
B.AR.14.DEMB14AR003	-----S-----G-----	1004
B.BR.10.10BR_MG035	-----G-----	1010
B.CU.14.14CU005	-----G-----	1004
B.DE.13.366396	-----G-----	1005
B.DE.13.947915	-----G-----	1004
B.DO.11.DEMB11DR001	-----G-----	1007
B.ES.15.100600	-----V-----	1003
B.FR.11.DEMB11FR001	-----V-----	1003
B.JP.12.DEMB12JP001	-----G-----	1007
B.PH.15.DEMB15PH003	-----V-----	1001
B.RU.11.11RU21n	-----G-----	1008
B.SE.15.102SE	-----G-----	1004
B.TH.10.DEMB10TH002	-----G-----	1008
B.US.16.2609	-----G-----	1004
C.BR.11.DEMC11BR035	-----V--K-----A--M-----	1000
C.CN.10.YNFL19	-----XK-----A--G-----	1004
C.DE.10.622166	-----V--K-----A--D-----	1006
C.ES.15.100_118	-----V--K-----A--G-----	1009
C.ET.08.ET104	-----V--K-----A--M--G-----	1004
C.IN.15.NIRT008	-----K-----A--G-----	1000
C.MW.09.703010256_CH256.w96	-----K-----A--G-----	1002
C.NG.10.10NG020523	-----K-----A--G-----	1000
C.NP.11.11NP016	-----K-----A--G-----	1000
C.PK.14.DEMC14PK009	-----V--K-----A--GG--N-----	1000
C.SE.15.100ET	-----V--K-----V--A--G--N-----	1005
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	-----V--KH-----A--D-----ONME	1004
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	-----V--K-----A--G-----ONME	1015
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-----V--K-----A--G-----	1007
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-----A--G-----ONME	1009
D.BR.10.10BR_R3095	-----G-----G-----	1002
D.CD.03.LA17M00	-----V-----G-----G-----	1005
D.CM.10.DEMD10CM009	-----V-----G-----G-----	1009
D.CY.06.CY163	-----V-----G-----G-----	1003
D.KE.11.DEMD11KE003	-----V-----G-----	1003
D.SE.12.077UG	-----G-----	1002
D.TZ.04.C06405V4	-----G-----	1003
D.UG.10.DEMD10UG004	-----V-----	1003
D.UG.11.DEMD11UG003	-----V-----	1005
D.YE.02.02YE516	-----V-----G-----	1005
F1.AO.06.AO_06_ANG32	-----M-----G-----	1008
F1.AR.02.ARE933	-----M-----G-----	1004
F1.BR.11.DEMF11BR037	I-----G-----G-----	1004
F1.CY.08.CY22	-----G-----G-----	1003
F1.ES.11.VA0053_nfl	-----G-----G-----	1004
F1.FR.04.LA22LeRe	-----G-----G-----	1005
F1.RO.03.LA20DuCl	-----G-----G-----	1006
F1.RU.08.D88_845	-----G-----G-----	1004
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----G-----A-----	1003
F2.CM.11.DEURF11CM026	-----G-----	998
G.CD.03.LA23LiEd	-----S-----G-----	1003
G.CM.08.789_10	-----R--L-----G-----	1001
G.CM.10.DEMG10CM008	-----G-----G-----	1003
G.CN.08.GX_2084_08	-----G-----G-----	1008
G.CN.16.224GX	-----G-----G-----	1002
G.ES.14.EUR_0033	-----G-----G-----	1004
G.GS.08.A57LmNe	-----G-----G-----	1002
G.KE.09.DEMG09KE001	-----L-----G-----	1002
G.NG.12.12NG060409	-----L-----Q-----G--N-----	999
H.CD.04.LA19KoSa	-----Q-----G--N-----	1002
H.CF.02.LA25LeMi	-----G-----	1002
J.CD.03.LA26DiAn	-----G-----	1002
J.CM.04.04CMU11421	-----V--XX-----G--X-----	1000
K.CD.97.97ZR_EQT811	-----G-----	1002
K.CM.96.96CM_MP535	-----G-----	1004
01_AE.CM.11.1156_26	-----G-----	1003
01_AE.CN.12.DE00112CN011	-----G-----	1002
01_AE.IR.10.10IR_THR48F	-----G-----	996
01_AE.JP.11.DE00111JP003	-----G-----	1002
01_AE.MM.14.FKSDU26	-----G-----	1004
01_AE.PH.15.DE00115PH012	-----G-----	1004
01_AE.SE.12.0765E	I-----G-----	1004
01_AE.TH.10.DE00110TH001	-----D-----	997
01_AE.TH.11.40436v09_04	-----G-----	1004
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----	1000
02_AG.CM.10.DE00210CM013	-----GG--T-----	1009
02_AG.DE.09.701114	-----E-----	1004
02_AG.KR.12.12M111_10746	-----K-----	1004
02_AG.KR.12.12MHR9	-----N--K-----	1004
02_AG.LR.x.P0C44951	-----V--L-----	1008
02_AG.NG.12.12NG060304	-----V--L-----	1004
02_AG.NG.x.IBNG	-----G-----	1004
02_AG.PK.15.PK032	-----G-----N-----	1004
02_AG.SE.14.098GN	-----V--K-----N-----	1003
	-----N-----	1003

p31 Integrase end
Pol end

```

B.FR.83.HXB2      VPRRKAKIIRDYQKQMGDDCVASRQDED.....*
02 AG.SN.13.9580  -----G-----
03 AB.RU.97.KAL153 2 -----N-----G-----
04 cpx.CY.94.94CY032.3 -----G-----
05 DF.BE.x.VI1310  -----G-----
06 cpx.AU.96.BFP90  -----G-----
07 BC.CN.98.98CN009 -----K-----A-----G-----
08 BC.CN.97.97CNGX 6F -----K-----A-----G-----
09 cpx.GH.96.96GH2911 -----H-----G-----
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----V-----K-----A-----G-----ONME
11 cpx.CM.95.95CM_1816 -----I-----G-----
12 BF.AR.99.ARMA159 -----G-----
13 cpx.CM.96.96CM_1849 -----G-----
14 BG.ES.05.X1870  -----G-----
15 01B.TH.99.99TH_MU2079 -----G-----
16 A2D.KR.97.97KR004 -----R-----G-----
17 BF.AR.99.ARMA038 -----G-----
18 cpx.CU.99.CU76  -----G-----
19 cpx.CU.99.CU7  -----G-----
20 BG.CU.99.Cu103  -----G-----
21 A2D.KE.99.KER2003 -----V-----G-----
22 01A1.CM.01.01CM_0001BBY -----E-----N-----G-----
23 BG.CU.03.CB118  -----G-----
24 BG.ES.08.X2456 2 -----H-----G-----
25 cpx.CM.02.1918LE -----G-----
26 A5U.CD.02.02CD_MBTB047 -----G-----
27 cpx.FR.04.04CD_FR_KZ5 -----LKH-----G-----
28 BF.BR.99.BREPM12609 -----G-----
29 BF.BR.01.BREPM16704 -----G-----
31 BC.BR.04.04BR142 -----V-----K-----A-----M-----G-----ONME
32 06A6.EE.01.EE0369 -----E-----E-----G-----
33 01B.ID.07.JKT189C -----G-----
34 01B.TH.99.01BTH1969P -----G-----
35 AD.AF.07.169H  -----G-----
36 cpx.CM.00.00CMNYU830 -----N-----G-----
37 cpx.CM.00.00CMNYU926 -----M-----G-----
38 BF1.UY.03.UY03_3389 -----G-----
39 BF.BR.04.04BRJ179 -----G-----
40 BF.BR.05.05BRJ055 -----V-----K-----G-----
41 CD.TZ.05.C06577V5 -----V-----G-----
42 BF.LU.03.LuBF_01_03 -----G-----
43 02G.SA.03.J11223 -----N-----G-----
44 BF.CL.00.CH00  -----G-----
45 cpx.FR.04.04FR_AUK -----V-----G-----
46 BF.BR.07.07BR_FPS625 -----G-----
47 BF.ES.08.P1942  -----G-----
48 01B.MY.07.07MYKT021 -----A-----M-----G-----
49 cpx.CM.03.N26677 -----G-----
50 A1D.GB.10.12792 -----L-----S-----M-----G-----
51 01B.SG.11.11SG_HM021 -----G-----
52 01B.MY.03.03MYKL018_1 -----G-----
53 01B.MY.11.11FIR164 -----G-----
54 01B.MY.09.09MYSB023 -----G-----
55 01B.CN.10.HNCS102056 -----G-----
56 cpx.FR.10.URFS_patient_A -----G-----
57 BC.CN.09.09YNLX19sg -----K-----G-----
58 01B.MY.09.09MYPR37 -----G-----
59 01B.CN.09.09LNA423 -----V-----K-----A-----M-----G-----
60 BC.IT.11.BAV499  -----A-----G-----
61 BC.CN.10.J110010 -----K-----A-----G-----
62 BC.CN.10.YNFL13 -----K-----A-----G-----
63 02A.RU.10.10RU6637 -----G-----
64 BC.CN.09.YNFL31 -----K-----X-----G-----
65 cpx.CN.10.YNFL01 -----K-----G-----
67 01B.CN.11.ANHUI_HF115 -----G-----
68 01B.CN.11.ANHUI_WH73 -----G-----
69 01B.JP.05.05JPMYC113SP420 -----G-----
70 BF1.BR.10.10BR_PE004 -----G-----
71 BF1.BR.10.10BR_PE008 -----V-----G-----
72 BF1.BR.10.10BR_PG002 -----G-----
73 BG.DE.01.9196_01 -----G-----
74 01B.MY.10.10MYPR268 -----I-----G-----
77 cpx.MY.14.14MYNBB090 -----G-----
78 cpx.CN.13.YNTC19 -----G-----
79 0107.CN.15.S45DT013 -----G-----
82 cpx.MM.13.mSSDU12 -----K-----A-----G-----
83 cpx.MM.13.mSSDU94 -----K-----A-----G-----
85 BC.CN.14.14CN_SCYB2 -----K-----A-----G-----
86 BC.CN.13.15YNH518 -----K-----A-----G-----
87 cpx.CN.12.DH32  -----G-----
88 BC.CN.05.05YNRL25sg -----V-----K-----A-----G-----
90 BF1.BR.11.BRG06043 -----L-----H-----A-----G-----T-----SESMEOPGEIP
0.CM.96.LA51YBF35 -----T-----SM-----G-----A-----SESMEOPGEIP
0.CM.96.LA52YBF39 -----N-----T-----SM-----G-----X-----SENVEOLGEIP
0.CM.99.99CMU4122 -----H-----T-----SM-----G-----T-----SENVEOPGEIP
0.CM.x.pCM02_3 -----H-----T-----SM-----G-----T-----SENVEOPGEIP
ES.01.Read25_HIV_Group0 -----Q-----T-----M-----T-----SENVEOPGEIP
0.FR.06.RBF206 -----Q-----T-----M-----T-----SENVEOPGEIP
O.GA.10.10Gabb1190 -----T-----SM-----G-----T-----SESMEOPSEIP
O.GA.11.11Gabb6352 -----S-----S-----G-----T-----SENMEOPGEITS
O.SN.99.99SE_MP1300 -----H-----T-----SM-----G-----T-----SENVEOPGEIP
O.US.10.LTNP -----T-----SM-----G-----T-----SESVEQPSEIP
N.CM.15.S4858 -----G-----GG-----NOEME
N.FR.11.N1_FR_2011 -----G-----GG-----NOEME
P.CM.06.U14788 -----N-----DT-----R-----SESLEQSG
P.FR.09.RBF168 -----DI-----R-----SESLE
CPZ.TZ.06.TAN5 -----KE-----AGSMDD-----N-----T
CPZ.US.85.US_Marilyn -----K-----A-----SM-----G-----S
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2 -----X-----SM-----XG-----T-----GESMEOPGEIP
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15 -----N-----DT-----G-----SESLEQSGQVS

```

1003
1012
1004
1003
1004
1006
1004
1004
1000
1003
1007
1002
1004
1011
1003
1002
1004
1004
1002
1003
1000
1003
1003
1004
1000
1000
1000
1003
1002
1002
1004
1004
1014
1004
1004
1004
1003
1004
1004
1007
1004
1011
1008
1003
1004
1002
1002
1004
1003
1004
1001
1008
1007
1004
1011
1008
1003
1004
1002
1004
1003
1004
1001
1002
1004
1004
1004
1004
1004
1004
1006
1000
1004
1001
999
1000
1000
1000
1004
1004
1000
1002
1002
1006
1004
1005
1000
1003
1004
990
1013
1004
1000
1000
1000
1000
1000
1000
1000
1000
1000
1004
1015
1010
1010
1008
1008
1012
1009
1010
1010
1010
1010
1015
1015
1008
1004
1000
1006
1010
1010

Vif start

MENRQVMIVVQVDMRRTKWSLVKHHMYVSGKARGWFYRHHYESPHPRISSEVHPILG. D. AR. LVITTYWGLHTGERDWHLGQGVSIENRKRKRYSTQVPELADQLIHYDFCSDSAIRKALLGHIVSPRCYEQAG. HNKVGSYLQYLAALAI. . . . T. PKKKK	160
B. FR. 83. HXB2	160
A1. CD. 02. LA01A1Pr	160
A1. CM. 08. 886 24	160
A1. ES. 15. 100 117	160
A1. KE. 11. DEMA11KE002	160
A1. PK. 15. PK03	160
A1. RW. 11. DEMA11RW002	160
A1. SE. 13. 0785E	160
A1. UG. 11. DEMA11UG009	160
A2. CM. 01. 01CM 1445MV	160
A3. SN. 01. DD1579	160
A4. CD. 97. 97CD KCC2	160
A6. BY. 13. PV85	160
A6. IT. 02. 60000	160
A6. RU. 11. 11RU6950	160
A6. UA. 12. DEMA112UA024	160
B. BR. 14. DEMB14AR003	160
B. BR. 10. 10BR MG035	160
B. CU. 14. 14CU005	160
B. DE. 13. 366396	160
B. DE. 13. 947915	160
B. DO. 11. DEMB11DR001	160
B. ES. 15. 100 117	160
B. FR. 11. DEMB11FR001	160
B. JP. 12. DEMB12JP001	160
B. PH. 15. DEMB15PH003	160
B. RU. 11. 11RU21n	160
B. SE. 15. 1025E	160
B. TH. 10. DEMB10TH002	160
B. US. 16. 2609	160
C. BR. 11. DEMC11BR035	160
C. CN. 10. YNFI19	160
C. DE. 10. 622166	160
C. ES. 15. 100 118	160
C. ES. 08. ET104	160
C. IN. 15. NIRT008	160
C. MW. 09. 703010256 CH256.w96	160
C. NG. 10. 10NG020523	160
C. NP. 11. 11NP016	160
C. NZ. 14. DEMC14PK009	160
C. SE. 15. 100ET	160
C. TZ. 08. 707010457 CH457.w8	160
C. US. 14. M0118v1d14 5M04 C5	160
C. ZA. 13. DEMC13ZA152	160
C. ZM. 11. DEMC11ZM006	160
D. BR. 10. 10BR RJ095	160
D. CD. 03. LA1 7M9	160
D. CM. 10. DEMD10CM009	160
D. CY. 06. CY163	160
D. KE. 11. DEMD11KE003	160
D. SE. 12. 077UG	160
D. T. 04. C06405v4	160
D. UG. 10. DEMD10UG004	160
D. UG. 11. DEMD11UG003	160
D. YE. 02. 02YE516	160
F1. A0. 06. A0 06 ANG32	160
F1. AR. 02. ARE933	160
F1. BR. 11. DEMF11BR037	160
F1. CY. 08. CY22	160
F1. ES. 11. VA0053 nfl	160
F1. FR. 04. LA22LeRe	160
F1. RO. 03. LA20DuCl	160
F1. RU. 08. D88 845	160
F2. CM. 10. DEMF210CM007	160
F2. CM. 10. DEURF11CM026	161
G. CD. 03. LA23Ied	160
G. CM. 08. 789 10	160
G. CM. 10. DEMG10CM008	160
G. CN. 08. GX 2084 08	160
G. CN. 16. 224GX	160
G. ES. 14. EUR 0033	160
G. GE. 08. A57LmMe	160
G. KE. 09. DEMG09KE001	160
G. NG. 12. 12NG060409	160
H. CD. 04. LA19KoSa	160
H. CF. 02. LA25LeM1	160
J. CD. 03. LA26DiAn	160
J. CM. 04. 04CMU11421	160
K. CD. 97. 97ZR E0TB11	160
K. CM. 96. 96CM MP535	160
01 AE. CM. 11. 1156 26	160
01 AE. CN. 12. DEM0112CN011	160
01 AE. IR. 10. 10IR THR48F	160
01 AE. JP. 11. DE00111JP003	160
01 AE. MM. 14. fKSDU26	160
01 AE. PH. 15. DEM0115PH012	160
01 AE. SE. 12. 0795E	160
01 AE. TH. 10. DEM0110TH001	160
01 AE. TH. 11. 40436v09_04	160
01 AE. TH. 90. CM240	160
02 AG. CM. 10. DEM0210CM013	160
02 AG. DE. 09. 701114	160
02 AG. KR. 12. 12MH11 10746	160
02 AG. KR. 12. 12MHR9	160
02 AG. LR. x. POC44951	160
02 AG. NG. 12. 12NG0606304	160
02 AG. NG. x. IBNG	160
02 AG. PK. 15. Y0932	160
02 AG. SE. 14. 098GN	160

Table of protein sequences for HIV-1 Vif, with columns for strain names (e.g., B.FR.83.HXB2), amino acid positions (92-192), and the corresponding sequence alignment. The alignment shows conserved regions across various HIV-1 and SIVcpz strains.

HIV-1 Proteins

	amphipathic α -helix oligomerization	H(S/N)RIG motifs	Vpr end in HXB2	Vpr end
	Vpr start	frameshift in HXB2	Vpr end in HXB2	Vpr end
B. FR. 83. HXB2	MEQAPEDQGPQREPHNEWTLELLEELKNEAVRHFPRIVLHLGQGHYIETYGDTWAGVEAIRILQQLLFIFH#FRIGCRHSRIGVTRQRR...	ARNGASRS*		
A1.CD.02.LA01A1Pr	-----P--YQ-M-H-----P-----N-H-E-V-M-V-----Q--II-G-----V-D-G-P-			
A1.CM.08.886_24	-----Y-M-----H-----P-----N-L-T-V-----Q--IIPG-----V-D-SG-			
A1.ES.15.100_117	-----Y-----H-----P-Q-----DD-----K-----V-----Q--II-G-----G--SD-			
A1.KE.11.DEMA11KE002	-----H-P-Y-L-D-H-----P-----N-----V-M-V-----Q--ILPR-----G--S-P-			
A1.PK.15.PK034	-----Y-M-D-H-----P-----N-----V-----Q--II-G-----V-D-PG-			
A1.RW.11.DEMA11RW002	-----Y-M-----D-H-----P-----N-----T-V-----Q--II-G-----I-D-S-			
A1.SE.13.078SE	-----P-YEQ-M-D-D-H-----P-----D-DI-V-KT-V-----Q--II-G-----D-SG-			
A1.UG.11.DEMA11UG009	-----Y-M-----Q-----P-----D-DI-E-Y-V-----Q--II-R-----V-D-T-P-			
A2.CM.01.01CM_1445MV	-----Y-M-----Q-----P-----N-E-M-V-----Q--II-RG-R-----V-D--P-			
A3.SN.01.DDI579	-----Y-----V-----P-----N-E-----Y-----Q--I-PS-G-----V-----			
A4.CD.97.97CD_KCC2	-----Y-M-----H-----L-----P-----N-E-T-V-----Q--IVQR-----G--S-			
A6.BY.13.PV85	-----Y-M-----DI-H-----P-----N-----V-----Q--ILOR-----V--S-			
A6.IT.02.60000	-----Y-M-----DI-H-----P-----N-----V-----Q--ILOR-----V--SR-			
A6.RU.11.11RU6950	-----Y-M-----DI-H-----NT-Q-----N-----T-V-----Q--ILOR-----V--S-			
A6.UA.12.DEMA112UA024	-----Y-M-----D-H-----P-----N-----T-V-----Q--II-----			
B.AR.14.DEMB14AR003	-----Y-----R-G-----P-----N-YV-----Q--I-P-----N-----			
B.BR.10.10BR_MG035	-----T-----Y-----R-----P-----Y-----Q--IIP-----N-P-----			
B.CU.14.14CU005	-----V-----Y-A-V-----V-----Y-G-----Q--I-----S-----			
B.DE.13.366396	-----T-AG-Q-A-N-A-----A-----P-----S-Y-Q-----T-LL-HM-----Q--IIO-----T-----			
B.DE.13.947915	-----Y-----R-----V-----S-Y-Q-----T-LL-----Q--ILR-G-----			
B.DO.11.DEMB11DR001	-----R-----Y-I-R-----P-----S-Y-Q-----LL-----H-IN-T-----T-G-----			
B.ES.15.100600	-----Y-----R-----P-----L-N-----Y-L-Q-----I-----G-----			
B.FR.11.DEMB11FR001	-----YDV-----P-----L-N-----L-M-----Y-Q-----I-RS-----H-----			
B.JP.12.DEMB12JP001	-----Y-Q-----A-----S-Y-----E-L-T-----Q--II-RS-----H-----			
B.PH.15.DEMB15PH003	-----H-Y-A-G-D-Q-----P-----S-Y-N-----E-T-----Q--IIP-----			
B.PH.15.DEMB15PH003	-----Y-----D-R-Y-T-----Q-Y-N-----T-L-T-L-----I-----T-----			
B.RU.11.11RU21n	-----H-----Y-----D-R-Y-T-----Q-Y-N-----T-L-T-L-----I-----T-----			
B.SE.15.102SE	-----S-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
B.TH.10.DEMB10TH002	-----S-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
B.US.16.2609	-----S-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.BR.11.DEMC11BR035	-----S-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.CN.10.YNFL19	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.DE.10.622166	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.DE.15.100_118	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.EI.08.EI104	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.IN.15.NIRT008	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.MW.09.703010256_CH256.w96	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.NG.10.10NG020523	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.NP.11.11NP016	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.PK.14.DEMC14PK009	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.SE.15.100ET	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.TZ.08.707010457_CH457.w8	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-----P-H-----Y-----O-----P-----S-----T-----Q--II-----			
D.BR.10.10BR_R3095	-----A-----Y-----S-----V-----Q-Y-N-----T-L-----Q--I-NL-----T-----S-			
D.CD.03.LA17M050	-----A-----Y-----S-----V-----Q-Y-N-----T-L-----Q--IIP-----T-----S-			
D.CM.10.DEMD10CM009	-----A-----Y-----S-----V-----Q-Y-N-----T-L-----Q--IIP-----T-----S-			
D.CY.06.CY163	-----A-----Y-----S-----V-----Q-Y-N-----T-L-----Q--IIP-----T-----S-			
D.KE.11.DEMD11KE003	-----S-----Y-----S-----A-----S-Y-----T-L-T-V-----Q--II-H-----T-----S-			
D.SE.12.077UG	-----N-----Y-----A-----S-----A-----S-Y-----T-L-T-V-----Q--II-H-----T-----S-			
D.TZ.04.C06405V4	-----N-----Y-----A-----S-----A-----S-Y-----T-L-T-V-----Q--II-H-----T-----S-			
D.UG.10.DEMD10UG004	-----N-----Y-----A-----S-----A-----S-Y-----T-L-T-V-----Q--II-H-----T-----S-			
D.UG.11.DEMD11UG003	-----A-----Y-----A-----R-----S-----Y-----T-LT-S-V-----Q--INP-----T-R-----			
D.YE.02.02YE516	-----A-----Y-----A-----R-----S-----Y-----T-LT-S-V-----Q--INP-----T-R-----			
F1.AO.06.AO_06_ANG32	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.AR.02.ARE933	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.BR.11.DEMF11BR037	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.CY.08.CY22	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.ES.11.VA0053_nfl	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.FR.04.LA22LeRe	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.RO.03.LA20DuCl	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F1.RU.08.D88_845	-----G-----Y-----A-----D-----E-----K-----P-----S-----N-----M-----H-----I-----P-----V-----N-----			
F2.CM.10.DEMF210CM007	-----P-----Y-----Q-----H-----E-----M-----Y-----N-----G-----Q-----H-----T-----Q--IN-----T-N-P-----			
F2.CM.11.DEURF11CM026	-----P-----Y-----Q-----H-----E-----M-----Y-----N-----G-----Q-----H-----T-----Q--IN-----T-N-P-----			
G.CD.03.LA23IeD	-----V-----N-----Y-----A-----H-----P-----Q-----LY-N-----V-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
G.CM.08.789_10	-----V-----N-----Y-----A-----H-----P-----Q-----LY-N-----V-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
G.CM.10.DEMG10CM008	-----V-----N-----Y-----A-----H-----P-----Q-----LY-N-----V-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
G.CN.08.GX_2084_08	-----N-----L-----F-----A-----T-----P-----Q-----L-----D-----V-----I-----Q--INP-----R-----V-D-SG-----			
G.CN.16.224GX	-----N-----L-----F-----A-----T-----P-----Q-----L-----D-----V-----I-----Q--INP-----R-----V-D-SG-----			
G.ES.14.EUR_0033	-----N-----L-----F-----A-----T-----P-----Q-----L-----D-----V-----I-----Q--INP-----R-----V-D-SG-----			
G.GS.08.A57LmNe	-----V-----N-----Y-----D-----M-----H-----P-----N-----E-----M-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
G.KE.09.DEMG09KE001	-----V-----N-----Y-----D-----M-----H-----P-----N-----E-----M-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
G.NG.12.12NG060409	-----V-----N-----Y-----D-----M-----H-----P-----N-----E-----M-----Q--IIP-----V-D-PG-----			
H.CD.04.LA19KoSa	-----R-----P-----Y-----A-----S-----P-----N-----N-----T-----L-----Q--IIP-----G-----			
H.CF.02.LA25LeM1	-----R-----P-----Y-----A-----S-----P-----N-----N-----T-----L-----Q--IIP-----G-----			
J.CD.03.LA26DiAn	-----L-----P-----X-----A-----S-----P-----N-----N-----T-----L-----Q--IIP-----G-----			
J.CM.04.04CMU11421	-----L-----P-----X-----A-----S-----P-----N-----N-----T-----L-----Q--IIP-----G-----			
K.CD.97.97ZR_EQT811	-----P-----Y-----I-----I-----R-----P-----D-----NN-----E-----L-----H-----IL-----GG-----S-----			
K.CM.96.96CM_MP535	-----P-----Y-----I-----I-----R-----P-----D-----NN-----E-----L-----H-----IL-----GG-----S-----			
01.AE.CM.11.1156_26	-----Y-----S-----T-----H-----S-----Y-----D-----V-----Q--II-G-----G--PG-----			
01.AE.CN.12.DE00112CN011	-----Y-----S-----T-----H-----S-----Y-----D-----V-----Q--II-G-----G--PG-----			
01.AE.IR.10.10IR_THR48F	-----Y-----S-----T-----H-----S-----Y-----D-----V-----Q--II-G-----G--PG-----			
01.AE.JP.11.DE00111JP003	-----Y-----S-----T-----H-----S-----Y-----D-----V-----Q--II-G-----G--PG-----			
01.AE.MM.14.fksDU26	-----H-----I-----S-----P-----N-----F-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
01.AE.PH.15.DE00115PH012	-----H-----I-----S-----P-----N-----F-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
01.AE.SE.12.0705E	-----G-----N-----I-----P-----Q-----Y-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
01.AE.TH.10.DE00110TH001	-----G-----N-----I-----P-----Q-----Y-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
01.AE.TH.11.40436v09_04	-----L-----E-----Y-----I-----P-----Q-----Y-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
01.AE.TH.90.CM240	-----L-----E-----Y-----I-----P-----Q-----Y-----N-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.CM.10.DE00210CM013	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.DE.09.701114	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.KR.12.12MHR11_10746	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.KR.12.12MHR9	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.LR.x.P0C44951	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.NG.12.12NG060304	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.NG.x.IBN0	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.PK.15.PK032	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			
02.AG.SE.14.098GN	-----R-----F-----V-----H-----P-----E-----N-----Q-----V-----Q--IIPG-----G--H-TG-----Y-----			

Tat start	C-rich region	nuclear localization	exon 1 end exon 2 start	Tat end	
B.FR.83.HXB2	MEPVPDRLEPKWPKHGPSQPACTNICYCKKCF.HCQVCFITKALGIGSYGRKRROR.R.RAHONSQTHO	 SLSKQPTS.OP.RG.....DPTGPKE+KKKVERETETDPFD.....*		
A1.CD.02.LA01A1Pr	-L-N-D-N-----T-NS-----W-L-LR-G-FH-----R-----GTPHS-KN-N-----		PTP-I-T-OR..S-E-S-----SKAKS-R-A-----	100	
A1.CM.08.886_24	-D-N-N-N-----R-T-SS-----Y-A-LR-G-----G-----GTPYS-KD-N-----		P-PE-SLP-T-Q...EW-E-S-E-E-S-----SO-R-----	102	
A1.E5.15.100_117	-D-I-N-N-N-----R-A-N-----R-SY-P-LN-G-----S-----SP-SNKD-N-----		PTPE-L-A-Q...S-E-S-----SKAAA-R-----	102	
A1.KE.11.DEMA111KE002	-D-NI-N-N-----I-P-NK-----Y-PA-LN-G-----G-----GTP-S-KD-N-----		PVP-IP-RA-P...IS-SE-S-K-----R-----	102	
A1.PK.15.PK034	-D-N-N-N-----T-P-NK-----V-Y-L-Q-G-----A-----SK-----		PTPE-T-RA-P...I-----ST-M-S-----R-----	102	
A1.RW.11.DEMA111RW002	-D-N-N-N-----A-S-N-----V-Y-P-LS-G-V-----K-----GTP-SNKD-N-----		PVP-STP-K-N...E-S-E-E-S-----SKA-R-----	102	
A1.SE.13.0785E	-D-N-A-N-----R-E-P-N-----Y-L-LOR-G-----A-----PPS-KD-N-----		PVPQ-LP-A-OR...S-E-S-----SK-P-R-----	102	
A1.UG.11.DEMA110UG009	-D-N-N-N-----T-P-SK-----E-Y-I-QH-G-----W-----T-G-KD-N-----		PTP-LP-A-P...S-E-S-----SKA-R-----	102	
A2.CM.01.01CM.1445MV	-K-N-N-----R-N-V-----W-LN-G-----P-----PS-S-KD-N-----		PV-E-SLP.HA.OR.VS-Q-S-E-SK-HQ-----	102	
A3.SN.01.DD1579	-N-N-H-----S-A-W-----LNG-----K-----GTP-SNKD-N-----		PVP-LP-T-P...S-E-S-----SK-R-A-----	102	
A4.CD.97.97CD.KCC2	-N-N-E-----P-NR-----Y-P-VN-G-----K-----TPRSNKD-N-----		PTP-L-A-OR...E-S-E-SK-A-P-R-----	102	
A6.BY.13.PV85	-D-S-D-N-----SS-R-L-I-LK-G-----H-----GTSH-ED-N-----		HI-LP.HT.OR...Q-E-ST-SKA-AAQL-----	102	
A6.IT.02.60000	-D-N-N-N-----SK-W-L-LN-G-----H-----GTP-NKD-N-----		PTPN-LP.RT.OR.VO-----E-SK-R-----	102	
A6.RU.11.11RU6950	-D-N-N-N-----S-W-L-LK-G-----H-----GTPHS-KD-N-----		PI-LP.HT.OR...Q-E-SA-SKA-R-A-----	102	
A6.UA.12.DEMA112UA024	-D-N-N-N-----S-W-L-LK-G-----H-----GTPH-KD-N-----		PI-LP.HT.OR.NQ-----E-SK-L-----	102	
B.AR.14.DEMB14AR003	-N-N-N-----R-P-----P-LK-G-----N-----SP-G-EN-V-----		HT-----S-----R-----	102	
B.BR.10.10BR.MG035	-I-----P-----PK-T-----G-----N-----PKH-----		P-S-S-H-----W-T-A-DRW-----	103	
B.CU.14.14CU005	-N-----S-W-Y-M-G-----G-----P-----D-E-D-----		P-AT-L-R-----S-E-V-R-----	102	
B.DE.13.366396	-D-A-E-----P-NT-----L-SR-----S-----S-----		P-PN-A-H-----S-E-----GS-----	102	
B.DE.13.947915	-S-----E-P-T-----L-MK-----G-----GPPK-N-V-----		P-T-H-----K-----DHWCMDS-----	107	
B.DO.11.DEMB11DR001	-K-----K-F-R-Y-A-L-G-----G-----PP-R-----		N-Q-SE-T-----VQ-----	102	
B.ES.15.100600	-A-E-----K-F-R-Y-A-L-G-----G-----TP-D-P-D-----		L-----S-E-----KA-H-D-A-----	102	
B.FR.11.DEMB11FR001	-N-N-N-----NK-R-Y-L-L-G-----G-----PP-G-V-----		P-P-A-L-----S-E-----OV-----	102	
B.JP.12.DEMB12JP001	-S-----S-P-A-----A-TK-G-----G-----P-S-D-----		P-SAP-L-----S-E-----SH-----	102	
B.PH.15.DEMB15PH003	-R-----R-----L-M-K-G-Y-----Y-----SP-N-D-----		P-A-T-----H-----H-----	102	
B.RU.11.11RU21n	-N-N-N-----R-----M-K-G-Y-----Y-----SP-D-N-----		P-E-A-----Q-S-E-----SK-VH-----	102	
B.SE.15.1025E	-S-----P-P-R-----YA-M-G-N-----N-----P-D-E-E-----		A-PE-SDP-----E-S-T-----A-N-----	102	
B.TH.10.DEMB10TH002	-N-N-N-----S-SY-L-Q-G-----G-----RA-G-PPSGED-N-----		LI-L-A-----Q-SE-S-----SK-----	104	
B.US.16.2609	-L-I-N-N-----D-N-R-SY-L-QK-G-----Y-----RA-G-PPSGED-N-----		PI-L-RT-K...S-SE-S-----SK-K-A-----	102	
C.BR.11.DEMC11BR035	-D-N-N-N-----N-V-SY-L-QK-G-----Y-----G-----GTPSSNKD-N-----		PV-LP-T...N-SSE-S-----SK-----	102	
C.CN.10.YNFL19	-D-N-N-N-----R-NK-H-SY-L-Q-G-----Y-----G-----S-PPS-KD-N-----		PI-L-A-----Q-SE-S-----R-V-A-E-V-----	102	
C.DE.10.622166	-C.EI.08.ET104	-I-N-N-----R-N-SY-L-QK-G-----Y-----G-----S-PPS-ED-N-----		LV-LP.R-H...NO-VSE-S-----SK-----	102
C.EI.08.ET104	-I-N-N-----R-N-SY-L-QK-G-----Y-----G-----S-PPS-KD-N-----		P-P-L-T...N-SE-S-----SO-R-W-----	103	
C.IN.15.NIRT008	-I-K-N-----P-NK-NK-SY-L-QK-G-----W-----S-PPS-KD-N-----		IRN-LP.RA.H...NO-E-S-----EM-SK-R-Q-----	102	
C.MW.09.703010256.CH256.w96	-I-N-N-----S-P-NS-H-SY-L-QK-G-----Y-----W-----S-PPS-KD-N-----		LI-LP.RT.O...Q-SE-S-----SK-----	102	
C.NG.10.10NG020523	-N-N-N-----V-NK-H-SY-L-QK-G-----Y-----G-----S-PPS-ED-N-----		LIPN-SL.RT.Q...S-PP-S-----SK-TAA-----	102	
C.NP.11.11NP016	-N-N-N-----V-NK-H-SY-L-QK-G-----Y-----G-----S-PPS-ED-N-----		LI-L-T...Q-SE-S-----SKA-----	102	
C.PK.14.DEMC14PK009	-N-N-N-----P-NK-F-SY-L-Q-G-----G-----K-PPS-ED-N-----		PI-LP-T...N-SE-S-----SK-T-L-----	102	
C.SE.15.100ET	-N-N-N-----P-NK-F-SY-L-Q-G-----G-----K-PPS-ED-N-----		I-LP-T...N-SE-S-----SK-A-----	102	
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	-Q-K-N-----NT-F-R-SY-L-Q-G-----G-----K-PPS-ED-N-----		PI-LP-T...N-SE-S-----SK-A-YA-----	102	
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5	-C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5	-I-N-D-N-----P-NK-NK-F-SY-L-Q-G-----Y-----K-----N-PPS-KD-N-----		P-LP-L...N-SE-S-----SK-K-----	102
C.ZA.13.DEMC13ZA152	-I-N-N-----P-NK-NK-SY-L-Q-G-----Y-----K-----N-PPS-KD-N-----		P-P-LPO...N-SE-S-----SK-KA-----	102	
C.ZM.11.DEMC11ZM006	-D-K-N-----P-NK-NK-SY-L-Q-G-----Y-----K-----N-PPS-KD-N-----		PI-SP-A...N-SE-S-----SK-CA-----	102	
D.BR.10.10BR.R3095	-D-N-N-----E-P-NK-H-Y-T-S-G-----G-----KPPMGD-A-D-----		PVP-S-----T-Q-----SWA-----	103	
D.CD.03.LA17Mub9	-D-NIA-N-----S-NK-NK-H-Y-T-S-G-----G-----P-PP-----		P-PP-I-----H-----T-A-L-W-----	103	
D.CM.10.DEMD10CM009	-D-N-N-N-----S-NS-R-Y-R-S-G-----G-----KPPKONT-V-----		PVPD-S-H...Q-E-SK-A-W-----	103	
D.CY.06.CY163	-D-N-N-N-----S-NS-R-Y-C-G-----G-----PP-GNK-G-----		PVPE-S-H.P.P-P-NPS-E-SK-A-W-----	103	
D.KE.11.DEMD11KE003	-D-I-S-N-----R-P-NK-----Y-O-VS-G-----D-----P-GG-V-D-----		PTP-S-----SKA-AW-----	103	
D.SE.12.077U6	-D-N-N-N-----R-P-NK-----Y-T-S-G-----G-----TP-G-----		PTP-S-L...Q-----SKA-A-AW-STDYHLHSGTT-----	114	
D.TZ.04.C06405v4	-D-N-N-N-----R-P-NK-----H-SY-P-L-G-----G-----PP-DNA-D-----		PTP-S-L...E-Q-K-----SKA-Q-CWEDYRHLGTT-----	114	
D.UG.10.DEMD10UG004	-D-NI-N-----P-NK-NK-N-Y-N-G-----G-----PP-SG-A-D-----		PTP-S-L...S-A-Y-W-----	103	
D.UG.11.DEMD11UG003	-L-N-D-N-----R-P-NK-NK-N-Y-N-G-----G-----GTP-GG-A-V-----		PVP-S-L...S-A-Y-W-----	103	
D.YE.02.02YE516	-D-N-N-----R-S-P-SP-----P-LK-G-----G-----SP-SN-V-----		PVP-S-----SQAKAP-W-----	103	
F1.A0.06.A0.06.ANG32	-I-N-D-N-----T-P-K-----A-YY-G-G-----G-----TP-S-KN-N-----		PVPE-L-A...N-S-EM-SK-S-----	101	
F1.AR.02.ARE933	-L-N-D-N-----T-P-K-----R-YY-LAR-G-----H-----TPHGT-I-D-----		LVP-L-A...N-S-EM-SK-CA-----	102	
F1.BR.11.DEMF11BR037	-D-I-N-N-----P-P-NK-----R-YY-A-G-----G-----H-----TP-G-T-D-----		PV-S-A...N-S-EM-SK-----	102	
F1.CY.08.CY22	-S-D-N-A-----A-P-S-----R-W-V-G-----G-----H-----PP-S-PL-D-----		PV-I-A...N-S-EM-SK-N-C-----	102	
F1.E5.11.VA0053.nfl	-L-N-D-N-----K-T-K-----R-YY-T-G-----G-----PP-SN-I-D-----		PIPE-L-A...N-S-EM-SK-K-----	101	
F1.FR.04.LA22LeRe	-L-N-D-N-----K-T-P-NK-----Y-YH-T-G-----G-----H-----TPPS-D-N-----		LVP-L-A...N-S-EM-SK-C-----	102	
F1.R0.03.LA20duCl	-L-N-D-N-----A-P-K-----R-TS-G-----G-----GTX-S-T-N-----		PVPE-S...Q-----SKA-----	101	
F1.RU.08.D88.845	-I-N-D-O-----E-P-N-----R-TS-G-----G-----S-G-EI-D-----		PVP-L-T...NH-EKS-E-SK-A-----	102	
F2.CM.10.DEMF210CM007	-I-E-D-N-----E-P-K-----L-TS-G-L-----L-----S-G-EI-D-----		PIP-L-T...NH-EKS-E-SK-A-----	101	
F2.CM.10.DEURF11CM026	-D-NI-N-----Q-P-NK-R-W-----LN-G-KH-----GPS-S-KD-N-----		PVP-L-TT-G...N-S-E-ASK-K-----	102	
G.CD.03.LA231ieD	-D-N-N-N-----T-S-NK-V-W-----LN-G-KH-----GPS-S-KD-N-----		PVP-LP-IA...N-S-E-ASKA-A-Q-----	102	
G.CM.08.789_10	-D-K-N-----P-NK-A-W-----LN-G-KH-----GSSHG-KD-N-----		PVPE-SP-IS...N-Q-S-E-ASKA-Q-----	102	
G.CM.10.DEMG10CM008	-D-N-N-----K-NK-V-W-----LN-G-KH-----ATPSSNKD-N-----		PVP-IP-TT...N-S-E-SK-----	102	
G.CN.16.224GX	-D-N-N-----K-NK-A-W-----LN-G-KH-----ATPSSNKD-N-----		PVP-IP-TT...N-S-E-SK-----	102	
G.E5.14.EUR.0033	-D-N-N-----T-K-R-W-----LN-G-KH-----GPP-S-ED-N-----		PVP-LP-TT...N-A-E-S-----SK-K-L-----	102	
G.G08.08.A57LmNe	-D-N-N-----R-N-V-W-----LN-G-KH-----GPP-G-KD-N-----		PVP-LP-TT...N-A-E-S-----SK-K-L-----	102	
G.KE.09.DEMG09KE001	-DL-NI-N-----R-N-V-SW-L-LN-G-KH-----SPG-KD-N-----		PVPE-LP-TT...N-A-E-S-----SK-K-L-----	102	
G.NG.12.12NG060409	-D-NI-N-----A-P-NK-A-Y-YL-S-G-----G-----ETPRGN-D-N-----		H-E-L-RI-H...K-SKA-A-W-----	103	
H.CD.04.LA19KoS	-NQ-N-----N-----Y-M-LK-G-----G-----GTPASL-NN-N-----		LV-L-RA...A-E-ASK-H-----	102	
H.CF.02.LA25LeM1	-NK-N-----N-----Y-M-LK-G-----G-----T-PPG-KN-D-----		LTP-LP-T.OR...Q-E-SK-P-R-----	102	
J.CD.03.LA26Dian	-NI-N-----R-Q-----L-LK-G-----N-----A-PPG-KX-D-----		XXVE-LP.LT.SR.KQ-Q-E-SK-PXR-----	102	
J.CM.04.04CMU11421	-NI-NQ-----NO-Q-----Y-L-LQ-G-C-----N-E-----T-TPYA-KN-KD-----		PIP-LP-A...EQ-D-S-E-SK-K-----	101	
K.CD.97.97ZR.EQTB11	-D-NI-NQ-----NO-Q-----Y-L-LQ-G-C-----N-E-----P-----TTPY-EN-D-----		P-R-L...EQ-D-S-E-SK-K-Q-----	102	
K.CM.96.96CM.MP535	-D-N-N-N-----T-SK-V-W-----H-L-G-----G-----KH-----GTPPG-KD-N-----		PVP-LP-II...N-S-E-SK-A-----	102	
01.AE.CM.11.1156_26	-D-N-N-N-----T-SK-V-W-----H-L-G-----G-----KH-----GTP-S-KD-N-----		PVP-LP-II...N-S-E-SK-A-----	102	
01.AE.CM.12.DE0012CN011	-N-N-N-----P-V-SK-I-W-L-LK-G-----G-----KH-----TP-SNKD-N-----		PIPE-SL-TS...N-E-S-E-ASK-G-CA-----	102	
01.AE.IR.10.10IR.THR48F	-N-N-N-----T-D-SK-W-L-LK-G-----H-----KH-----GTP-S-KD-N-----		PIPE-FP-TT...N-D-S-E-ASKA-CA-----	102	
01.AE.JP.11.DE0011JP003	-N-N-N-----T-D-SK-V-W-L-LK-G-----G-----KH-----GTP-S-KD-N-----		PTP-RT.XS...N-DQ-S-E-ASKA-C-----	102	
01.AE.MM.14.fKSDU26	-T-T-N-----T-V-SK-V-W-L-LK-G-----G-----KH-----GTP-S-KD-N-----		LTP-SPP-II...N-D-S-E-ASKA+H-----	102	
01.AE.PH.15.DE0015PH012	-N-N-N-----T-SK-W-L-LK-G-----G-----KH-----GPP-SRKO-D-----		LTP-SPP-II...N-D-S-E-ASKA+H-----	101	
01.AE.SE.12.0765E	-NI-N-----T-P-----W-L-LK-G-----G-----KH-----GPS-S-KD-N-----		H-S-H...N-S-EM-SK-----	101	
01.AE.TH.10.DEM0110TH001	-N-N-N-----S-N-SW-L-LK-G-----G-----KH-----GTP-S-KD-N-----		H-S-H...N-S-EM-SK-----	101	
01.AE.TH.11.40436v09_04	-L-N-N-----T-SK-W-L-LK-G-----G-----KH-----GTP-SRKO-N-----		PVPE-LP-II...NO-SE-ASTA-A-RA-----	102	
01.AE.TH.90.CM240	-L-N-N-----R-A-S-----W-L-LN-G-----H-----GTP-RD-N-----		PIP-LP-II.R.N.D-S-E-ASKA-OC-----	102	
02.AG.CM.10.DE00210CM013	-S-N-N-----R-A-S-----W-L-LN-G-----H-----GTP-RD-N-----		PVP-LP-TT...N-E-S-E-ASK-Y-LRTAS-----	107	
02.AG.DE.09.701114	-L-N-N-----T-SK-M-W-----LN-G-----R-----GTP-SR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-E-S-E-ASK-Y-LRTAS-----	102	
02.AG.KR.12.12MHR11.10746	-L-N-N-----T-SK-M-W-----LN-G-----R-----GTP-SR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-E-S-E-ASK-Y-LRTAS-----	102	
02.AG.KR.12.12MHR9	-D-SI-N-----T-SK-A-W-L-LN-G-KR-----GSPRSH-DR-N-----		PVP-LP-TT...N-S-E-ASK-NOC-----	102	
02.AG.LR.x.POC44951	-L-S-D-N-----T-N-I-W-Y-LK-G-Q-----R-----GPP-SREDR-N-----		PVP-LP-TT...N-S-E-TE-ASK-H-----	103	
02.AG.NG.12.12NG060304	-L-S-N-----T-SK-M-#-L-LK-G-----R-----GTP-SR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-D-S-E-ASK-K-C-----	101	
02.AG.NG.x.IBNG	-L-S-N-----T-SK-M-#-L-LK-G-----R-----GTP-SR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-D-S-E-ASK-K-C-----	101	
02.AG.PK.15.PK032	-L-S-N-----T-SK-M-#-L-LK-G-----R-----GTP-SR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-D-S-E-ASK-K-C-----	101	
02.AG.SL.14.098GN	-L-L-N-----T-SK-H-W-L-LN-G-----R-S-----GTPPSR-D-N-----		PVP-LP-TT...N-D-S-E-ASK-----	101	

	Tat start	C-rich region	nuclear localization	exon 1 end	exon 2 start	Tat end
B. FR. 83. HXB2	MEPVDPRLEP	WPKHGPSQPKTACTN	CYCKKCCF.HCQVCFIT	KALG	ISYGRKKRRRQ.R.AH	QNSOHTOA.....
02 AG.SN.13.9580	-DL	-S	-N	-T	-SK	-W
03 AB.RU.97.KAL153_2	-DL	-S	-N	-T	-SK	-W
04 cpx.CY.94.94CY032_3	-D	-N	-N	-T	-DK	-F
05 DF.BE.X.VT1310	-D	-N	-N	-R	-NO	-M
96 cpx.AU.96.BFP90	-D	-N	-N	-R	-NO	-M
07 BC.CN.98.98CN009	-K	-S	-N	-R	-K	-Y
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-N	-N	-N	-E	-N	-R
09 cpx.GH.96.96GH2911	-L	-N	-N	-A	-NK	-R
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-H	-N	-N	-NK	-H	-A
11 cpx.CN.95.95CN_1816	-L	-N	-N	-NI	-NQ	-K
12 BF.AR.99.ARNA159	-L	-N	-N	-K	-S	-P
13 cpx.CM.96.96CM_1849	-D	-N	-N	-K	-I	-NO
14 BG.ES.05.X1870	-D	-N	-N	-N	-K	-R
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-D	-LN	-N	-R	-T	-N
16 A2D.KR.97.97KR084	-D	-N	-N	-R	-NK	-R
17 BF.AR.99.ARMA938	-I	-N	-D	-N	-T	-P
18 cpx.CU.99.CU78	-D	-N	-N	-NI	-NQ	-K
19 cpx.CU.99.CU7	-D	-N	-N	-N	-NT	-N
20 BG.CU.99.CU103	-D	-N	-N	-N	-NK	-V
21 A2D.KE.99.KER2003	-D	-N	-N	-R	-NK	-H
22 01A1.CM.01.01CM_0001BBY	-L	-S	-N	-T	-N	-F
23 BG.CU.03.CB118	-D	-N	-D	-N	-NK	-M
24 BG.ES.08.X2456_2	-D	-N	-N	-N	-NK	-F
25 cpx.CM.02.1918LE	-D	-N	-N	-N	-G	-P
26 A5U.CD.02.02CD_MBT047	-D	-N	-N	-N	-NK	-H
27 cpx.FR.04.04CD_FR_K25	-D	-N	-N	-N	-NQ	-R
28 BF.AR.99.BREPM12609	-D	-N	-N	-N	-Q	-R
29 BF.BR.01.BREPM16704	-D	-N	-N	-N	-Q	-R
31 BC.BR.04.04BR142	-D	-K	-N	-N	-R	-N
32 06A6.EE.01.EE0369	-H	-K	-I	-N	-Q	-R
33 01B.ID.07.JKT189_C	-N	-N	-N	-AT	-SK	-I
34 01B.TH.99.OUR1969F	-D	-N	-N	-N	-D	-N
35 AD.AF.07.169H	-D	-N	-D	-N	-P	-S
36 cpx.CM.00.00CMNYU830	-L	-N	-N	-N	-N	-R
37 cpx.CM.00.00CMNYU926	-D	-N	-N	-N	-N	-R
38 BF1.UY.03.UY03_3389	-I	-K	-N	-T	-P	-NK
39 BF.BR.04.04BRJ179	-D	-N	-N	-N	-K	-R
40 BF.BR.05.05BRJ055	-D	-N	-N	-N	-K	-R
41 CD.TZ.05.C06577V5	-D	-N	-N	-N	-R	-NK
42 BF.LU.03.luBF_01_03	-I	-K	-E	-N	-R	-K
43 02G.SA.03.J11223	-L	-S	-N	-T	-SK	-R
44 BF.CL.08.CH80	-L	-I	-N	-D	-N	-T
45 cpx.FR.04.04FR_AUK	-D	-N	-N	-N	-T	-NK
46 BF.BR.07.07BR_PFS625	-L	-N	-D	-N	-T	-P
47 BF.ES.08.P1942	-L	-N	-D	-N	-T	-P
48 01B.MY.07.07MYKT021	-N	-N	-N	-K	-T	-SK
49 cpx.CM.03.N26677	-D	-N	-N	-N	-K	-T
50 A1D.GB.10.11702	-D	-N	-N	-N	-T	-P
51 01B.SG.11.11SG_HM021	-N	-N	-N	-G	-P	-A
52 01B.MY.03.03MYKL018_1	-N	-N	-N	-T	-SS	-I
53 01B.MY.11.11FR164	-S	-N	-N	-X	-T	-SK
54 01B.MY.09.09MYSB023	-N	-N	-N	-T	-SK	-R
55 01B.CN.10.HNC5_102056	-N	-N	-N	-K	-T	-SK
56 cpx.FR.10.URFS_0at1ent_A	-D	-I	-N	-N	-N	-K
57 BC.CN.09.09YNLX1959	-D	-N	-N	-N	-N	-R
58 01B.MY.09.09MYPR37	-N	-N	-N	-T	-D	-SK
59 01B.CN.09.09LNA423	-N	-N	-N	-K	-T	-SK
60 BC.IT.11.BAV499	-LETN	-NQ	-E	-P	-N	-R
61 cpx.CN.10.J1100110	-D	-N	-N	-N	-E	-N
62 BC.CN.10.YNFL13	-D	-N	-N	-N	-E	-N
63 02A.RU.10.10RU6637	-D	-N	-N	-N	-E	-N
64 BC.CN.09.YNFL31	-D	-N	-N	-N	-E	-N
65 cpx.CN.10.YNFL01	-N	-N	-N	-Q	-N	-F
67 01B.CN.11.ANHUI_HF115	-D	-N	-N	-T	-D	-SP
68 01B.CN.11.ANHUI_WH73	-D	-N	-N	-T	-SK	-AW
69 01B.JP.05.05JPMYC113SP420	-D	-N	-N	-R	-N	-K
70 BF1.BR.10.10BR_PE004	-L	-K	-Q	-R	-K	-Y
71 BF1.BR.10.10BR_PE008	-L	-K	-Q	-R	-K	-Y
72 BF1.BR.10.10BR_MG002	-L	-K	-Q	-R	-K	-Y
73 BG.DE.01.9196_01	-D	-N	-N	-N	-N	-F
74 01B.MY.10.10MYPR268	-D	-N	-N	-N	-T	-SK
77 cpx.MY.14.14MYNB090	-D	-N	-N	-N	-T	-P
78 cpx.CN.13.YN1C19	-D	-N	-N	-N	-K	-T
79 0107.CN.15.S915DT013	-D	-N	-N	-N	-T	-SK
82 cpx.MM.13.mSSDU12	-D	-N	-N	-M	-T	-N
83 cpx.MM.13.mSSDU94	-D	-N	-N	-M	-T	-N
85 BC.CN.14.14CN_SCY82	-D	-N	-N	-N	-N	-L
86 BC.CN.13.13YNH518	-D	-K	-N	-K	-N	-R
87 cpx.CN.12.DH32	-D	-N	-N	-N	-N	-R
88 BC.CN.05.05YNFL_25g	-D	-N	-N	-R	-N	-R
90 BF1.BR.11.BRG06643	-D	-N	-N	-R	-N	-R
0.CM.96.LA51YBF35	-D	-E	-V	-H	-P	-N
0.CM.96.LA52YBF39	-D	-E	-V	-H	-P	-N
0.CM.99.99CMU4122	-D	-E	-V	-H	-P	-N
0.CM.X.pCM02_3	-D	-E	-V	-H	-P	-N
0.ES.01.Read2_HIV_Group0	-D	-IA	-E	-V	-H	-P
0.FR.06.RBF206	-D	-E	-V	-H	-P	-N
O.GA.10.10GAb1190	-D	-E	-V	-H	-P	-N
O.GA.11.11GAb6352	-D	-E	-V	-H	-P	-N
O.SN.99.99SE_MP1300	-D	-E	-V	-H	-P	-N
O.US.10.LTN0	-D	-E	-V	-H	-P	-N
N.CM.15.S4858	-D	-N	-N	-R	-N	-R
N.FR.11.FR_2011	-D	-N	-N	-R	-N	-R
P.CM.06.U14788	-D	-D	-P	-Q	-Q	-Q
P.FR.09.RBF168	-D	-D	-P	-Q	-Q	-Q
CPZ.TZ.06.TAN5	-N	-I	-Q	-V	-A	-E
CPZ.US.85.US_Marilyn	-D	-NI	-Q	-V	-A	-E
GOR.CM.12.SIVgor_BPID2	-D	-E	-V	-H	-P	-N
GOR.CM.13.SIVgor_BO1D5	-D	-D	-T	-P	-Q	-Q

Table with columns: Rev start, exon 1 end, exon 2 start, NLS, Leu-rich effector domain, Rev end. It lists amino acid sequences for various HIV-1 proteins and domains, including MAGRSGSDS, EELIRTVRLIKL, LYQSNPPPN, PEG, TROARRNRRRWRERQ, IHSERILGTYLGRSAEPVLPQLPPLERL, TLDNCDNCGTSGTQ, and GVGSPQLLVESPTVLESQGTKE.

Table with columns: Vpu start, transmembrane domain, cytoplasmic domain (alpha-helix), and Vpu end. It lists various HIV-1 protein sequences and their domains.

HIV-1 Proteins

Table listing HIV-1 proteins and their amino acid sequences. Columns include protein names (e.g., B. FR. 83. HBX2, A1. CD. 02. LA01A1Pr), glycosylation sites (glycosylation N1S, glycosylation NCS, glycosylation V1, glycosylation V2, glycosylation NDT, glycosylation NTS, glycosylation NKT, glycosylation NGT, glycosylation NVS, glycosylation NGS, glycosylation NFT), and amino acid sequences. The table is organized into sections based on glycosylation sites and protein domains like CD4 binding and CD4 binding.

354

Draft of 25 June 2018, not for public release
hiv1prot_main.tex r10514-12210

HIV Sequence Compendium 2018

HIV-1/SIV cpz Proteins

Env

Table with columns for protein domain regions (glycosylation NNT, CD4 binding, glycosylation NIT, glycosylation NES, gp120 end, gp41 start, fusion peptide) and a corresponding list of amino acid sequences for various HIV-1/SIV cpz proteins.

Table with columns for glycosylation NNT, CD4 binding, glycosylation NIT, glycosylation NES, CD4 binding, gp120 end, and gp41 start. Rows contain amino acid sequences for various HIV-1 proteins and regions, including NNT, CD4 binding, glycosylation NIT, glycosylation NES, CD4 binding, gp120 end, and gp41 start.

	glycosylation NAS				glycosylation NHT				glycosylation NYT				transmembrane domain				gp41 cytoplasmic tail start
	immunodominant region		glycosylation NKS		glycosylation NKS		glycosylation NYT		glycosylation NYT		transmembrane domain		transmembrane domain				
B.FR.83.HXB2																	
A1.CD.02.LA01A1Pr																	
A1.CM.08.886.24																	
A1.ES.15.100.117																	
A1.KE.11.DEMA111KE002																	
A1.PK.15.PK03																	
A1.RW.11.DEMA111RW002																	
A1.SE.13.0785E																	
A1.UG.11.DEMA110UG009																	
A2.CM.01.01CM.1445MV																	
A3.SN.01.DDI579																	
A4.CD.97.97CD.KCC2																	
A6.BY.13.PV85																	
A6.IT.02.60000																	
A6.RU.11.11RU6950																	
A6.UA.12.DEMA112UA024																	
B.AR.14.DEMB14AR003																	
B.BR.10.10BR.MG035																	
B.CU.14.14CU005																	
B.DE.13.366396																	
B.DE.13.947915																	
B.DO.11.DEMB11DR001																	
B.ES.15.1006																	
B.FR.11.DEMB11FR001																	
B.JP.12.DEMB12JP001																	
B.PH.15.DEMB15PH003																	
B.RU.11.11RU21n																	
B.SE.15.1025E																	
B.TH.10.DEMB10TH002																	
B.US.16.2609																	
C.BR.11.DEMC11BR035																	
C.CN.10.YNFL19																	
C.DE.10.622166																	
C.EC.15.100.118																	
C.ES.08.ET104																	
C.IN.15.NIRT008																	
C.MW.09.703010256.CH256.w96																	
C.NG.10.10NG020523																	
C.NP.11.11NP016																	
C.SD.14.DEMC14PK009																	
C.SE.15.100ET																	
C.TZ.08.707010457.CH457.w8																	
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5																	
C.ZA.13.DEMC13ZA152																	
C.ZM.11.DEMC11ZM006																	
D.BR.10.10BR.RJ095																	
D.CD.03.LA1.050																	
D.CM.10.DEMD10CM009																	
D.CY.06.CY163																	
D.KE.11.DEMD11KE003																	
D.DE.12.077UG																	
D.EC.14.EUR.0033																	
D.GE.10.DEMD10UG004																	
D.UG.11.DEMD11UG003																	
D.YE.02.02YE516																	
F1.A0.06.A0.06.ANG32																	
F1.AR.02.ARE933																	
F1.BR.11.DEMF11BR037																	
F1.CY.08.CY22																	
F1.ES.11.VA0053.nfl																	
F1.FR.04.LA22LeRe																	
F1.FO.03.LA20DuCl																	
F1.RU.08.D88.845																	
F2.CM.10.DEMF210CM007																	
F2.CM.11.DEURF11CM026																	
G.CD.03.LA23Ied																	
G.CM.08.789.10																	
G.CM.10.DEMG10CM008																	
G.CN.08.GX.2084.08																	
G.CN.16.224GX																	
G.ES.14.EUR.0033																	
G.GW.08.A57LmNe																	
G.KE.09.DEMG09KE001																	
G.NG.12.12NG060409																	
H.CD.04.LA19KoSa																	
H.CF.02.LA25LeM1																	
J.CD.03.LA26DiAn																	
J.CM.04.04CMU11421																	
K.CD.97.97ZR.E0TB11																	
K.CM.96.96CM.MP535																	
01.AE.CM.11.1156.26																	
01.AE.CN.12.DE00112CN011																	
01.AE.IR.10.10TR.THR48F																	
01.AE.JP.11.DE00111JP003																	
01.AE.MM.14.FKSDU26																	
01.AE.PH.15.DE00115PH012																	
01.AE.SE.12.0795E																	
01.AE.TH.10.DE00110TH001																	
01.AE.TH.11.40436v09.04																	
01.AE.TH.90.CM240																	
02.AG.CM.10.DE00210CM013																	
02.AG.DE.09.701114																	
02.AG.KR.12.12MH111.10746																	
02.AG.KR.12.12MHR9																	
02.AG.LR.x.P0C44951																	
02.AG.NG.12.12NG060304																	
02.AG.NG.x.IBNG																	
02.AG.PK.15.PK032																	
02.AG.SE.14.098GN																	

Accession	glycosylation NAS					glycosylation NKT				glycosylation NYT				transmembrane domain					gp41 cytoplasmic tail start					
	immunodominant region		glycosylation NKS			glycosylation NKT		glycosylation NYT																
B. FR. 83. HBX2	AQOHLQLTVWGIKQLQARILAVERYLKDQQLLGWGCGLKTLCT. TAIVPNNAS. WS. NK.	THDD	GMM	LQ	EK	S	DI	YD	Q	D	LD	A	N	D	D	K	M	MI	I	T	N	I		
02 AG. SN. 13. 9580	... Q - R - ... V - L ...	P	DE	*	NM	E	G	YN	E	I	A	N	D	D	SK	I	I	I	T	N	I	G		
03 AB. RU. 97. KAL153 2	... R - ... V - L S ...	YND	DNM	LQ	K	S	QI	YG	L	D	A	S	Q	S	K	I	I	I	I	I	I	I		
04 CPX. CY. 94. 94CY032 3	... L - S - H - S - S - S -	EGE	DNM	E	K	S	S	T	YR	Q	I	D	S	Q	D	K	I	I	I	I	I	I	K	
05 DF. BE. x. V11310	... P. N. L. T ...	TYDE	SN	I	
78 cpx. AU. 96. BF5909	... T - V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
07 BC. CN. 98. 98CN009	... M - ... T - V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
08 BC. CN. 97. 97CNXG 6F	... M - ... T - V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	... K - ... V - S ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	... K - ... V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816	... K - ... V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
12 BF. AR. 99. ARNA159	... K - ... V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849	... M - ... V - M - Q - R ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
14 BG. ES. 05. X1870	... M - ... V - M - Q - R ...	OQE	DNM	Q	K	S	NT	YR	L	D	R	KA	S	KN	S	S	D	I	I	I	I			
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	... M - R - ... V - Q ...	TODD	NM	LQ	E	S	GT	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	M	II	V		
16 A2D. KR. 97. 97KR084	... M - R - ... V - Q ...	TODD	NM	LQ	E	S	GT	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	M	II	V		
17 BF. AR. 99. ARMA038	... M - K - ... V - L ...	TYND	NM	LQ	K	S	Q	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I	V	T	K	
18 cpx. CU. 99. CU76	... Q - R - ... V - L ...	YXD	NM	LQ	K	S	PQI	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
19 cpx. CU. 99. CU7	... M - ... V - L ...	YND	DNM	LQ	K	S	PQI	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
20 BG. CU. 99. CU103	... M - ... V - L ...	YND	DNM	LQ	K	S	PQI	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
21 A2D. KE. 99. KER2003	... M - ... V - L ...	YND	DNM	LQ	K	S	PQI	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY	... M - K - ... V - L ...	TD	DNM	LQ	K	S	Q	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
23 BG. CU. 03. CB118	... M - K - ... V - L ...	TD	DNM	LQ	K	S	Q	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
24 BG. ES. 08. X2456 2	... M - ... V - L ...	FNA	DNM	LQ	K	S	OH	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
25 cpx. CM. 02. 1918LE	... M - K - ... V - L ...	FNE	DNM	LQ	K	S	OH	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
26 A5U. CD. 02. 02CD MBT047	... M - K - ... V - L ...	WNE	DNM	LQ	K	S	OH	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25	... M - ... V - L ...	Y	DNM	LQ	K	S	OH	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
28 BF. AR. 99. BREPM12609	... M - ... V - L ...	OQE	DNM	Q	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
29 BF. BR. 01. BREPM16704	... M - ... T - V - I ...	OQE	DNM	Q	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
31 BC. BR. 04. 04BR142	... M - ... V - L ...	OQE	DNM	Q	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
32 06A6. EF. 01. E06369	... M - ... V - L ...	TF	ENM	LQ	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
33 01B. ID. 07. JKT189	... M - ... V - L ...	Y	ENM	LQ	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
34 01B. TH. 99. 99TH19699	... M - R - ... V - L ...	OQE	DNM	Q	K	S	H	R	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
35 AD. AF. 07. 169H	... M - R - ... V - L ...	TONE	NM	LQ	K	S	NT	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830	... K - ... V - L ...	TYDS	ENM	LQ	K	S	NT	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926	... K - ... V - L ...	ND	ENM	LQ	K	S	NT	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
38 BF1. UY. 03. UY03 3389	... M - ... V - L ...	HDE	DNM	RO	EK	S	SE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
39 BF. BR. 04. 04BR1379	... M - ... V - L ...	O	DNM	LQ	K	S	SE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
40 BF. BR. 05. 05BR1055	... M - ... V - L ...	DD	DNM	LQ	K	S	SE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
41 CD. TZ. 05. C06577V5	... M - ... V - L ...	VDE	KNM	Q	E	D	G	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
42 BF. LU. 03. LuBF 01 03	... M - ... V - L ...	TYQE	GMM	LQ	EK	S	SOE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
43 02G. SA. 03. J11223	... M - ... V - L ...	YDE	GMM	LQ	EK	S	SOE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
44 BF. CE. 08. CH80	... M - ... V - L ...	O	DNM	LQ	K	S	SE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK	... M - ... V - L ...	DK	GMM	LQ	EK	S	SE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625	... M - ... V - L ...	TOD	QNM	EK	VSS	SNE	YR	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I					
47 BF. ES. 08. P1942	... M - ... V - L ...	YD	KNM	Q	E	D	E	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
48 01B. MY. 07. 07MYKT021	... M - ... V - L ...	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
49 cpx. CM. 03. N26677	... M - K - ... V - L ...	Y	ENM	RO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
50 A1D. GB. 10. 12702	... M - ... V - L ...	O	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
51 01B. SG. 11. 11SG HM021	... M - ... V - L ...	T	DY	ENM	Q	E	D	G	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1	... M - ... V - L ...	HDE	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
53 01B. MY. 11. 11F1R164	... M - ... V - L ...	Y	E	GMM	LQ	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
54 01B. MY. 09. 09MYSB023	... M - ... V - L ...	Y	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
55 01B. CN. 10. HNC5 102056	... M - ... V - L ...	Y	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
56 01B. FR. 10. HNC5 patient_A	... M - R - ... V - L ...	NYTD	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
57 BC. CN. 09. 09YNLX195g	... M - ... V - L ...	OQE	DNM	Q	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
58 01B. MY. 09. 09MYPR37	... M - ... V - L ...	DA	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
59 01B. CN. 09. 09NLA423	... M - ... V - L ...	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
60 BC. IT. 11. BAV499	... M - ... V - L ...	A	ENM	Q	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
62 BC. CN. 10. YNFL13	... M - ... V - L ...	R	E	ENM	Q	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
63 02A. RU. 10. 10RU6637	... M - K - ... V - L ...	KNE	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
64 BC. CN. 09. YNFL31	... M - ... V - L ...	N	T	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
65 cpx. CN. 10. YNFL01	... M - ... V - L ...	TQK	QNM	I	E	D	G	E	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
67 01B. CN. 11. ANHUI HF115	... M - ... V - L ...	F	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
68 01B. CN. 11. ANHUI WH73	... M - ... V - L ...	Y	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
69 01B. JP. 05. 05JPWY113SP420	... M - ... V - L ...	Y	ENM	RO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004	... M - ... V - L ...	OG	ENM	EK	D	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I	I					
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008	... M - ... V - L ...	OG	ENM	EK	D	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I	I					
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002	... M - ... V - L ...	HD	GMM	KK	EK	S	E	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
73 BG. DE. 01. 9196 01	... M - ... V - L ...	JD	NM	EK	D	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I	I					
74 01B. MY. 10. 10MYPR268	... M - ... V - L ...	E	DNM	TO	EK	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
77 cpx. MY. 14. 14MYNBB090	... M - ... V - L ...	YDE	NM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
78 cpx. CN. 13. YNTC19	... M - ... V - L ...	YDD	ENM	T	E	S	F	I	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
79 0107. CN. 15. S15DT013	... M - ... V - L ...	O	TE	DNM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I			
82 cpx. MM. 13. mSSDU12	... M - ... V - L ...	TYDE	NM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
83 cpx. MM. 13. mSSDU94	... M - ... V - L ...	TYDE	NM	LQ	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I	I				
85 BC. CN. 14. 14CN SCY82	... M - ... V - L ...	OQE	DNM	Q	K	S	NO	Y	L	D	KA	A	ET	D	S	S	I	I	I</					

	glycosylation NGS	glycosylation NAT	Env end gp41 end
			cytoplasmic tail end
B.FR.83.HXB2	.LSFQTHL.PT.PR.GPDRPEGIEEGERDRSRLVNGSLALWDDLRLSLCLFSYHRLRLDLLLVTRIVELLGR.....GWEALKYWNMLLYQW.SOEKLNKNSAVSLNATAIAV.....AEGTDRVIEVVOGACRAIHR.IPPRIRROG.LERLILL*		856
A1.CO.02.LA0141Pr	.I.N.E.L.R.QGKI.S.F.A.A.FV.AA.T.HSSKGLRL.G.LG.L.GR.I.IN.DTI.V.GW.IG.R.LLN.F.A.A.		867
A1.CM.08.886.24	.ILT.N.V.G.G.P.A.F.A.FI.A.T.HSSKGLRL.G.HL.L.GR.N.DTI.GR.W.LG.RI.N.A.A.		851
A1.ES.15.100.117	.LI.S.G.L.R.QGSS.D.F.A.A.FVS.A.T.HSSKGLRL.G.LG.L.GR.I.TR.I.FDTL.VI.GW.IG.RTG.N.A.A.		861
A1.KE.11.DEMA11KE002	.T.S.DL.R.G.QG.S.F.A.A.FI.AA.T.HNSKGLRL.G.LG.L.GR.L.R.L.IN.DNI.GW.LG.RF.L.A.A.		864
A1.PK.15.VK034	.I.S.D.R.D.G.A.F.TVV.FI.AA.T.HSSKGLRL.G.L.L.GR.T.I.FDTI.VI.GW.IG.RI.N.A.A.F.		854
A1.RW.11.DEMA11RW002	.I.T.N.OG.E.R.G.QG.AS.F.A.E.N.I.FI.AA.T.HSSKGLRL.G.LG.L.GR.T.I.I.FDTI.T.GW.I.RI.LN.T.F.A.		872
A1.SE.13.0785E	.LT.S.E.L.GR.Q.T.F.A.E.V.AA.T.HNSKGLRL.G.LG.L.GR.T.I.IN.FDTI.GW.IG.I.LN.A.A.		844
A1.UG.11.DEMA11UG009	.LT.S.E.L.GR.QG.S.F.V.E.FG.AA.T.HSSKGLRLV.G.L.L.GR.T.ID.F.T.GW.I.GRIG.LN.V.T.A.A.		855
A2.CM.01.01CM.1445MV	.L.IPT.R.E.L.R.K.G.Q.T.V.S.F.A.N.VD.I.VT.CIS.AA.T.HSSKGLRL.GI.L.L.GR.N.VD.I.VT.F.A.A.		863
A3.SN.01.DD1579	.LT.N.R.Q.S.F.FT.AA.T.HSSKGLRLV.G.L.V.L.GR.S.I.V.V.W.IG.R.G.LL.V.A.A.		851
A4.CD.97.97CD.KCC2	.PI.S.E.GR.G.0G.T.S.F.E.A.V.S.FI.AA.T.HSSKGLRL.G.L.V.T.I.AF.L.T.W.A.G.RIG.FLN.F.A.A.		863
A6.BY.13.PV85	.V.LT.H.E.GR.N.OG.GS.T.S.F.A.TS.AA.T.SSKGLRL.G.L.V.G.X.IN.DTI.G.I.I.RX.CN.A.A.O.		865
A6.IT.02.60000	.V.LT.N.E.GR.OG.S.F.A.A.K.FVS.AA.T.HSSKGLRL.G.L.V.GR.I.IDTI.VI.GW.IG.RV.L.F.A.A.		868
A6.RU.11.11RU6950	.V.LT.H.E.GR.S.OG.S.F.A.A.FI.AA.T.HSSKGLRLV.G.LG.G.G.IN.VDTI.V.GW.IG.RV.CN.A.A.O.		864
A6.UA.12.DEMA112UA024	.V.L.LT.H.E.E.GR.S.OG.T.S.F.A.FI.AA.T.HSSKGLRL.G.LG.V.G.S.IN.IDTI.V.GW.IG.RV.CN.A.A.O.		871
B.AR.14.DEMB14AR003	.L.N.H.A.E.T.G.K.T.F.V.H.A.A.A.G.I.I.I.T.I.G.RRL.FI.F.A.A.		854
B.BR.10.10BR.MG035	.L.L.I.M.D.G.RP.FFV.V.W.S.A.L.I.XS.L.K.I.I.T.I.R.L.L.A.A.		856
B.CU.14.14CU005	.R.H.A.Q.G.GG.E.D.F.I.V.L.S.L.S.C.D.L.R.G.V.I.I.R.FL.F.L.A.A.		855
B.DE.13.366396	.R.A.Q.GI.D.F.V.L.G.C.R.K.I.V.V.G.RI.L.G.L.A.A.O.		835
B.DE.13.947915	.H.A.Q.G.RP.H.F.V.F.I.T.S.A.L.A.L.K.I.V.I.L.R.G.VL.F.A.A.		861
B.DO.11.DEMB11DR001	.R.A.G.E.G.D.G.AH.F.P.V.A.A.A.A.R.K.I.VI.A.R.VL.FLN.A.A.V.		862
B.ES.15.10860	.R.A.G.E.G.D.G.AH.F.P.V.A.A.A.A.R.K.I.VI.A.R.VL.FLN.A.A.V.		859
B.FR.11.DEMB11FR001	.R.A.Q.G.KS.T.GC.D.FI.V.N.R.S.AA.I.I.RI.I.V.A.A.		841
B.JP.12.DEMB12JP001	.R.F.A.G.S.F.P.I.I.RI.I.V.A.A.		865
B.PH.15.DEMB15PH003	.IRP.A.G.EP.A.F.F.T.F.L.S.L.V.I.F.I.RT.I.F.I.RIG.LN.V.A.		850
B.RU.11.11RU21n	.R.N.Q.T.V.P.F.F.L.S.AA.L.I.R.FI.I.VI.RI.F.I.VI.AI.RTG.L.T.F.A.A.		847
B.SE.15.10256	.R.F.A.T.EP.A.F.F.V.F.S.L.S.A.T.G.T.S.G.I.I.A.V.G.I.A.RTG.L.T.F.A.A.		854
B.TH.10.DEMB10TH002	.L.IRP.A.G.D.GG.E.AS.F.T.V.D.R.T.S.T.I.L.RFG.G.L.A.A.O.		854
B.US.16.2609	.L.IRP.A.G.D.GG.E.AS.F.T.V.D.R.T.S.T.I.L.RFG.G.L.A.A.O.		854
C.BR.11.DEMC11BR035	.L.I.S.LG.Q.G.F.A.A.SSKGLRL.I.LGS.V.GL.K.I.DTV.V.I.I.W.CN.F.A.A.O.		869
C.CN.10.YNFI19	.L.I.N.OG.L.LGR.Q.KN.V.F.A.A.N.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		865
C.DE.10.622166	.L.LT.N.Q.E.KLG.Q.S.F.P.A.R.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		856
C.ES.15.101.118	.L.LI.S.EH.LGR.Q.S.P.A.R.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		853
C.EE.08.ET104	.L.I.S.EH.LGR.Q.S.P.A.R.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		837
C.IN.15.NIRT008	.L.I.S.EH.LGR.Q.S.P.A.R.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		843
C.MW.09.703010256.CH256.w96	.L.I.N.Q.E.LGR.P.N.F.F.T.FI.VTV.V.SFRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		865
C.MG.10.10NG020523	.L.I.S.E.R.R.GD.Q.E.V.T.F.A.H.I.SVTA.V.SSRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		854
C.NP.11.11NP016	.L.I.N.Q.E.LGR.P.N.F.F.T.FI.VTV.V.SFRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		855
C.NU.14.DEMC14PK009	.P.IPT.N.G.A.LGNSS.S.F.F.A.L.LA.A.SSRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		862
C.SE.15.100ET	.L.I.S.EH.LGR.Q.S.P.A.R.L.FI.VTA.A.NSLRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		862
C.TZ.08.707010457.CH457.w8	.L.I.N.Q.E.LGR.P.N.F.F.T.FI.VTV.V.SFRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		846
C.US.14.M0118v1d14.5M04.C5	.L.I.N.Q.E.LGR.P.N.F.F.T.FI.VTV.V.SFRGLR.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		870
C.ZA.13.DEMC13ZA152	.L.IPT.T.E.LGR.Q.G.V.S.F.V.I.Q.FI.VT.A.SSRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		868
C.ZM.11.DEMC11ZM006	.L.T.S.S.E.LGR.Q.KG.S.A.A.H.FI.VT.A.SSRGLR.I.LGS.V.GL.K.I.DTI.I.AIX.R.W.T.G.D.P.VA.O.		864
D.BR.10.10BR.RJ095	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.R.V.AA.R.L.I.TI.VT.I.A.R.G.IN.V.A.F.A.		851
D.CD.03.LA1.700	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.R.V.AA.R.L.I.TI.VT.I.A.R.G.IN.V.A.F.A.		869
D.CM.10.DEMD10CM009	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.R.V.AA.R.L.I.TI.VT.I.A.R.G.IN.V.A.F.A.		845
D.CY.06.CY163	.P.H.L.A.S.P.A.P.G.O.G.FS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		859
D.KE.11.DEMD11KE003	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		851
D.SE.12.077UG	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		860
D.SE.14.EUR.0033	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		857
D.UG.10.DEMD10UG004	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		848
D.UG.11.DEMD11UG003	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		858
D.YE.02.02YE516	.L.A.S.D.T.LG.Q.T.FSS.N.N.RH.I.AA.T.G.R.L.R.IN.DI.L.RT.VLR.F.A.A.		847
F1.AO.06.AO.06.ANG32	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		841
F1.AR.02.ARE933	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		846
F1.BR.11.DEMF11BR037	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		856
F1.CY.08.CY22	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		861
F1.E5.11.VA0053.nfl	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		847
F1.FR.04.LA22LeRe	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		843
F1.R0.03.LA20duCl	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		864
F1.RU.08.D88.845	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		863
F2.CM.10.DEMF210CM007	.L.LI.S.GD.Q.K.V.S.F.P.V.N.RH.FI.AA.T.NRGL.S.L.V.R.IN.DI.V.LR.G.VL.A.A.		848
F2.CM.11.DEURF11CM026	.V.L.LI.N.S.EP.GE.G.QGK.V.S.F.A.A.N.RH.FI.AA.T.NRGL.E.K.L.A.H.I.DT.V.V.T.D.L.RIG.VL.F.A.A.		857
G.CD.03.LA231ed	.L.I.HH.R.E.E.G.K.S.F.A.A.FT.AA.T.SSKGLRL.G.L.L.G.IN.IDTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		839
G.CM.08.789.10	.LT.HR.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.H.FV.AA.T.HSSKGLRLV.S.HL.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		845
G.CM.10.DEMG10CM008	.LT.HO.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.N.WC.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		848
G.CN.08.GX.2084.08	.T.HH.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		860
G.CN.16.224GX	.T.HH.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		864
G.ES.14.EUR.0033	.T.HH.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		861
G.GS.08.A57LmNe	.LT.HH.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		857
G.KE.09.DEMG09KE001	.LT.HH.Q.E.E.R.G.OG.G.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		853
G.NG.12.12NG060409	.RP.HH.Q.E.E.T.G.P.K.V.S.F.A.A.L.FT.AA.T.SSKGLRLV.V.L.L.G.IN.DTV.NW.I.G.RI.FLN.F.V.V.		872
H.CD.04.LA19KoSa	.L.I.N.E.GR.QG.G.P.F.P.I.N.H.A.T.I.V.L.S.L.GK.I.T.I.GR.I.LN.A.A.		860
H.CF.02.LA25LeM1	.L.I.S.E.R.G.O.P.A.F.R.V.E.N.RL.A.T.I.Q.L.S.L.GK.I.N.T.I.I.R.G.I.N.T.		851
J.CD.03.LA26DiAn	.LT.N.T.EA.G.Q.T.S.F.A.FV.AA.T.H.H.LG.AC.GR.R.I.F.I.I.R.A.VLN.F.IA.A.		866
J.CM.04.04CMU11421	.LT.N.T.EA.G.Q.T.S.F.A.FV.AA.T.H.H.LG.AC.GR.R.I.F.I.I.IXRR.F.VL.F.A.A.		861
K.CD.97.97ZR.EQTB11	.LT.S.E.G.K.V.S.F.A.A.N.RH.V.A.LDRGLK.S.L.LL.G.I.IN.T.I.YR.F.LL.F.L.A.		852
K.CM.96.96CM.MP535	.L.I.S.A.G.K.N.V.S.F.A.A.N.RH.RQ.N.I.L.RGL.G.L.V.L.G.I.N.T.I.GR.F.LL.F.L.A.		843
01.AE.CM.11.1156.26	.LT.HH.Q.E.E.GR.QG.G.S.F.F.I.A.FI.AA.T.NSLKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		850
01.AE.CN.12.DE0012CN011	.L.IPT.HH.Q.E.E.R.G.OG.V.S.F.F.I.A.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		867
01.AE.IR.10.IR.THR48F	.LP.HH.Q.E.E.R.G.OG.V.S.F.F.I.A.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		868
01.AE.JP.11.DE0011JP003	.LP.HH.Q.E.E.R.G.OG.V.S.F.F.I.A.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		861
01.AE.MM.14.FKSDU26	.XS.PN.HH.Q.E.E.R.G.OG.V.S.F.F.I.A.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		878
01.AE.PH.15.DE0015PH012	.L.IPS.HH.Q.E.E.R.G.OG.VT.S.F.V.N.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		858
01.AE.SE.12.0793E	.L.IPS.HH.Q.E.E.R.G.OG.VT.S.F.V.N.FI.AA.T.HSSKGLRR.G.LG.S.G.T.TT.D.GW.F.I.R.VL.F.A.A.		854
01.AE.TH.11.DE0011TH001	.V.IPT.HH.Q.E.E.T.G.OG.K.V.S.F.A.A.FI.AA.T.HSSKGLRLV.G.LG.L.G.I.FD.S.GW.I.A.R.VL.F.A.A.		865
01.AE.TH.11.40436v09.04	.V.L.PT.HH.Q.E.E.LGR.HS.GG.T.S.F.A.A.FI.AA.T.HSSKGLRLV.G.LG.L.G.I.FD.S.GW.I.A.R.VL.F.A.A.		851
01.AE.TH.90.CM240	.PT.HH.Q.E.E.GR.QG.G.V.S.F.A.A.FI.AA.T.HSSKGLRLV.G.LG.L.G.I.FD.S.GW.I.A.R.VL.F.A.A.		858
02.AG.CM.10.DE00210CM013	.LT.HH.Q.E.E.GR.T.Q.N.V.S.F.F.N.I.FV.AA.T.HNSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.I.R.YN.A.A.		885
02.AG.DE.09.701114	.PT.HH.Q.W.K.GR.G.O.V.FA.F.S.F.N.L.FV.AA.T.HNSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.I.R.YN.A.A.		876
02.AG.KR.12.2MH11.10746	.LA.HH.Q.E.E.K.GR.G.O.V.S.F.A.E.N.RQ.FI.AA.T.HSSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.I.R.YN.A.A.		863
02.AG.KR.12.12MHR9	.LT.HH.Q.E.E.R.G.OG.K.V.S.F.A.A.V.AA.T.HSGKGLRLV.HL.S.A.G.L.FDIT.NW.S.IG.R.G.LN.F.A.A.		870
02.AG.LR.x.POC44951	.LT.HR.Q.E.E.R.G.OG.K.V.LS.F.A.A.FA.AA.T.HSSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.IG.R.G.LN.T.KT.		853
02.AG.NG.12.12NG060304	.LT.HH.Q.E.E.R.DG.O.T.V.S.F.A.A.R.FV.AA.T.HNSKGLRLV.LG.I.S.G.I.IN.TI.VI.NW.I.R.YN.A.A.		863
02.AG.NG.x.IBNG	.LT.HH.Q.E.E.R.DG.O.T.V.S.F.A.A.R.FV.AA.T.HNSKGLRLV.LG.I.S.G.I.IN.TI.VI.NW.I.R.YN.A.A.		855
02.AG.PK.15.15PK32	.ILT.HH.Q.E.L.R.G.O.V.S.F.A.A.CA.AA.T.HSSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.LG.RIG.FLN.V.F.A.A.		863
02.AG.SE.14.098GN	.LT.HH.Q.E.L.R.G.O.V.S.F.A.A.CA.AA.T.HSSKGLRLV.L.S.G.G.IN.DI.VI.NW.SI.IG.R.G.LN.L.F.A.A.		854

B. FR. 83. HBX2
02 AG. SN. 13. 9580
03 AB. RU. 97. K1AL53 2
04 cpx. CY. 94. 94CY032. 3
05 DF. BE. x. V11310
96 cpx. AU. 96. BF9909
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CN6X 6F
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
12 BF. BR. 99. ARNA159
13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
14 BG. ES. 05. X1870
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
16 A2D. KR. 97. 97KRR084
17 BF. AR. 99. ARMA938
18 cpx. CU. 99. CU76
19 cpx. CU. 99. CU7
20 BG. CU. 99. CU103
21 A2D. KE. 99. KER2003
22 01A1. CM. 01. 01CM 0001BBY
23 BG. CU. 03. CB118
24 BG. ES. 08. X2456 2
25 cpx. CM. 02. 1918LE
26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
27 cpx. FR. 99. 99FR K25
28 BF. BR. 99. BREPM12609
29 BF. BR. 01. BREPM16704
31 BC. BR. 04. 04BR142
32 06A6. EE. 01. EE0369
33 01B. ID. 07. JKT189 C
34 01B. TH. 99. 99TH1969F
35 AD. AF. 07. 169H
36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
38 BF1. UY. 03. UY03 3389
39 BF. BR. 04. 04BRJ179
40 BF. BR. 04. 04BRJ055
41 CD. TZ. 05. CO657J5
42 BF. LU. 03. LuBf 01 03
43 02G. SA. 03. J11223
44 BF. CL. 08. CH89
45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
47 BF. ES. 08. P1942
48 01B. MY. 07. 07MYKT021
49 cpx. GM. 03. N26677
50 A1D. GB. 10. 12702
51 01B. SG. 11. 11SG HM021
52 01B. MY. 03. 03MYKL018 1
53 01B. MY. 11. 11FIR164
54 01B. MY. 09. 09MYSB023
55 01B. CN. 10. HNC5102056
56 cpx. FR. 09. 09FR pat1ent_A
57 BC. CN. 09. 09YNLX1959
58 01B. MY. 09. 09MYPR37
59 01B. CN. 09. 09LNA423
60 BC. IT. 11. BAV499
61 cpx. CN. 10. 100010
62 BC. CN. 10. YNFL13
63 02A. RU. 10. 10RU6637
64 BC. CN. 09. YNFL31
65 cpx. CN. 10. YNFL01
67 01B. CN. 11. ANHU1 HF115
68 01B. CN. 11. ANHU1 WH73
69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
73 BG. DE. 01. 9196 01
74 01B. MY. 10. 10MYPR268
77 cpx. MY. 14. 14MYNB090
78 cpx. CN. 13. YNFC19
79 0107. CN. 15. SX15DT013
82 cpx. MM. 13. mSDD012
83 cpx. MM. 13. mSDDU94
85 BC. CN. 14. 14CN SCY82
86 BC. CN. 13. 13YNH518
87 cpx. CN. 12. DH32
88 cpx. CN. 05. 05HGL 25sg
90 BF1. BR. 11. BRG06643
0. CM. 96. LA51YBF35
0. CM. 96. LA52YBF39
0. CM. 99. 99CMU4122
0. CM. x. pCM02 3
0. F. 01. Res023 HIV_Group0
0. FR. 06. RBF206
0. GA. 10. 10GAb1190
0. GA. 11. 11GAb6352
0. SN. 99. 99SE MP1300
0. US. 10. LTNP
0. CM. 15. S4858
N. FR. 11. PR 2011
P. CM. 06. U14788
P. FR. 09. RBF168
CPZ. TZ. 06. TAN5
CPZ. US. 85. US Marilyn
GOR. CM. 13. SIVgor_BPID02
GOR. CM. 13. SIVgor_BP1025

Table with columns: glycosylation NGS, glycosylation NAT, cytoplasmic tail end, and Env end gp41 end. Rows contain amino acid sequences for various HIV-1 strains.

Table with columns: myristoylation Nef start, phosphorylation acidic cluster poly-P helix, HXB2 premature Nef end. Rows list sequence motifs from various HIV strains, starting with B_FR.83.HXB2 and ending with NA_KK.LV.A.D.HOITPE.

205
211
205
209
205
207
210
206
205
204
204
207
212
210
210
210
208
210
213
99
208
218
207
209
224
208
207
210
205
208
208
206
213
211
209
208
208
208
208
208
208
211
211
211
45
207
214
210
207
207
208
205
96
90
217
45
216
206
207
215
206
211
211
206
213
208
208
207
219
211
205
208
209
210
207
216
204
207
205
206
110
209
205
206
207
205
216
211
210
221
210
206
207
209
206
207

normal Nef end

YKLVPEVPKIEE .ANKGENTSLHPVSLHGMD .PEREVLEWRFD SRLAFHVHARELHP EYF .KN C*

F---D-AGV---TE---NC---ICO---E-D-K-M-K-S-K-----FY..D.....
 F---D-EEV-R---TE---N---MCO---D-T-I-K-H-K-I-M-FY..D.....
 F---E---EEV-K---TE---NC---ICO---D-K-T-R-K-K-LK-L-K-FY..DLRL..
 F---D-EEV-K-ETE---N---ICO---E---T-R-E-S-LR-L---FY..D.....
 F---D-EEV-Q---E---DN---ICO---D---T-R-E-S-LR-L---FY..D.....
 F---N-EEV-R---E---N---ICO---E-G-T-M---LR-L---E-FY..D.....
 F---D-EEV-K---TE---NT---ICO---E-K-M-K---LK-R-I-FY..D.....
 F---N-EEV-K---E---N---ICO---E-T-K-K---LK-L---DFY..D.....
 F---N-SEV---TE---N---ICO-I---E-K-H-LR-R---Y-DFY..D.....
 F---DQASV---TE---N---ICO---K-K-M---LK-T-M-FY..D.....
 F---EAV---TG---N---ICO---M-K---LK-R-K---FY..D.....
 F---D-AEV---TE---N---ICO---E-K-R-K---LR-L-Q-FY..D.....
 F---D-V---TG---N---ICO---D-K-M-K---LK-R-O-M-FY..D.....
 F---D-ADV---TE---N---ICO---E-K-K-Q---LT-R-M---Y..D.....
 F---D-KEV---TE---N---ICO---E-K-M-K---LK-R-Y-M-FY..D.....
 F---E---OR-A---MH---G-Q-K---M---Y..D.....
 F---D-QV-K---E---NC---MHO-I---K-M-K-K---K-I-FY..D.....
 F---E-V---E---N---A-M-Q---M---K---Y..D.....
 F---EDV-K---E---NC---M-Q-I---K-M-K---M---D.....
 F---M-V---V---NC---N---Q---V-K-S-R-K---D.....
 F---V-VHP-Q.VDN.TNC-G-Q-I---K-M-H-Q-K---D.....
 F---DKE---O---NC---M-Q-I---K-M-H-Q-K---D.....
 F---D-QV-K-D-E-IN-M-Q---M-K-H-LQ---K-Y..D.....
 F---D-QV-K-V-E-AC-M-Q---M-K---K-K-Y..D.....
 F---D-EE-K-TT---NC---AMH---V-K-Y---K-K-Y..D.....
 F---E-MK-EQ---ET---A-Q-I---E-H-K-L-R-M-K---K-FY..D.....
 F---E---NSE-TN-A-Q-I---G-V-K-L-R-M-K---Y..D.....
 F---A-EDV-K.VTE-RNC-MN---M-K-K-K---Q-Y..D.....
 F---D-REV---TA-DNR-M-E-ADG-Q-K-L-RR-I-Y..D.....
 F---D-REV---E-NC---CO-E-EH-K-Q-IQ-HR-M---FY..D.....
 F---D-REV---Q---NC---M-Q---DD-K-K-S-RR-L---Y..D.....
 F---D-RRV---N---M---E-EH-K-V-S-RR-M---FY..D.....
 F---D-REV-K-N-E-NC---E-EHK-V-S-RR-M---FY..D.....
 F---D-REV---TSQ-NC-C-E-EY-Q-K-O-HR-R-Y..D.....
 F---D-REV---E-NC---M-Q---DH-K-K-Q-HK-M---FY..D.....
 F---D-REV---G-NC-L-QY-A---DH-M-K-S-RR-M---Y..D.....
 F---D-REV---E-DNC---CO-E-EH-K-K-Q-RR-M---FY..D.....
 F---D-REV---S---M-Q---E-H-K-K-Q-RR-M---FY..D.....
 F---D-SEV---E-NC-MCO-E-EN-K-Q-O-RR-L---WY..D.....
 F---D-SEV---ETE-N-M-E-EH-K-K-M-RR-M-K-Y..D.....
 F---D-SEV---E-D-NC-M-Q-E-EHK-Q-K-S-RR-M---Y..D.....
 F---D-REV---DNC-M-Q-WE-QYG-Q-K-L-RR-I---Y..D.....
 F---D-QEA-H-RDBS-M-M-Q-IE-EH-I-M-K-TQ-RR-L---WY..D.....
 F---D-QEV-K-LTA-DNC-LNQ-S-Q-K-E-K-QM-FY..D.....
 FF---D-QV-G---TE---NC---ICO-AE-EH-Q-K-N-K-K-KY-FY..D.....
 FF---D-RRV-G.ETE---C---Q---E-T-V-K-N-E-K-QK-FY..D.....
 FF---L-EEV-K---TE---NC---Q---Q---I-N-E-K-Q---Y..D.....
 FF---D-REV---NI---SC---G-Q-T---Q---V-N-E-K-LK-Y-Q..D.....
 FF---D-REV---E-TNC---M-Q---E-Q-K-N-E-K-QK-FY..R..D.....
 FF---D-REV---DTE---NC---MCO-E-E-Q-K-KIO-Y..D.....
 FF---IDAKEA---DTE---NC---ACO-E-T-M-N-E-K-V-DFY..D.....
 FF---D-KMV---E-E-DKC---MHO-G---K-V-N-K-E-K-KT-FY..D.....

F---D-EDV-K---E---NC---M---E-EDK-V-K-LR-I-R-D-Y..D.....
 F---D-EEV-K---E---NC---M-Q---EDG-K-Q-LK-I-R-Y-Q..D.....
 F---D-EEV-K---E---NC---M-Q---E-K-Q-K-LR-I-K-FY-Q..D.....
 F---D-EEV-K---E-D-NC---M-Q---E-G-Q-K-LR-I-K-K-FY-Q..D.....
 F---D-EEV-R---E---C---M-Q---EDG-R-K-LR-L-K-FY..D.....
 F---D-EEV-K---E-TNC-I-Q-IE-ED-M-K-T-MR-I-K-K-FY..D.....
 F---S-EEV-K---E---NC---M---E-EHG-Q-K-S-RR-L-K---FY..T..E#
 F---L-EE---T---N---ICO-IE-AD-V-S-RR-I---DFY..D.....
 F---E-D-AE---N---ICO-E-EH-R-S-RR-L-K-FY..D.....
 F---MD-AE---T---NC---ICO-E-ED-V-S-RR-I-K-FY..D.....
 F---MD-AEV---E---N---ICO-Q---ED-V-S-RR-R---FY..D.....
 F---MDQAA-K---E---N---ICO-QE-ED-V-S-RR-L---FY..D.....
 F---ID-ADV---E---TN---ICO-XE-ADK-V-S-RR-L-M---Y..D.....
 F---E-MD-AEV---E---N---ICO-AE-ADK-V-S-RR-R---DFY..D.....
 F---D-AE---TE-RNT---ICO-E-SD-K-K-S-RR-I---Y..Y..D.....
 F---LD-AE---TR---N---ICO-V---DDK-V-S-RR-I---DFY..D.....
 F---D-QDV-K---E---NC---ICO---E-M-K-S-RR-I-T-QFY..D.....
 F---D-QEV-K---E-TNC---ICO-E-E-I-K-T-T-R-FY..D.....
 F---D-REV-K---E-DNC---ICO-E-E-G-M-K-S-RR-I-K-Y..D.....
 F---D-REV---E---NC---X-Q-IX-X-X-M-K-XS-RR-X---FY..D.....
 F---D-REV---TE---NC---NQ-E-EH-K-K-S-RR-M---Y..D.....
 F---D-AEV---TTE-DNC-INQ-E-EH-I-M-K-S-RR---D-Y..D.....
 F---D-REV---D---NC---Q-I---ED-M-K-S-RR-I-RY-Y..D.....
 F---D-REV---D---NC---INO-E-E-M-K-S-RR-I-R-Y..D.....
 F---D-REV---D---NC---M-Q-QE-E-R-K-X-RK---Y..D.....
 F---D-REV---DT-E-NC---M-Q-V---DK-M-K-A-RK-I-K-FY..D.....
 F---D-KEV---D---NC---M-Q-QE-ED-M-K-S-RR-R-K-FY..D.....
 F---D-REV---N---NC---M-Q-TE-E-G-M-K-S-RK-I-T-FY..D.....
 F---D-REV---S---NC---M-Q-I-E-E-M-K-S-RK-I-Q-DFY..D.....
 F---D-REV---D---NC---M-Q-IE-E-M-K-A-RK-Q-Y..D.....
 F---LD-VE---R---E---N---ICO---ED-V-T-K-K---FY..D.....
 F---MD-ADV---H---N---ICO---DHG-V-RS-SK-I-K-FY..D.....
 F---MD-EE---S---N---ICO---MD-E-S-K-I-K-FY..D.....
 F---LD-AEV---E---N---ICO-E-ED-V-G-T-K-K---FY..D.....
 F---MD-AEV---E---N---ICO-IE-TD-Q-V-S-K-R-Q---FY..D.....
 F---D-QEV---Q-DNN---ICO---DH-I-K-T-R-M-M---FY..D.....
 F---MD-AEV---E---N---ICO-E-DD-I-T-R-T---Y..D.....
 F---AG-PK-15-PK932---F---NC---LAK-R-V-S-LK-R---FY..D.....
 F---MD-AEV---E---N---ICO-E-EN-V-RS-SK-I-M-FY..D.....

B.FR.83.HXB2
 A1.CD.02.LA01A1Pr
 A1.CM.08.886_24
 A1.ES.15.100_117
 A1.KE.11.DEMA11KE002
 A1.PK.15.PK034
 A1.RW.11.DEMA11RW002
 A1.SE.13.0785E
 A1.UG.11.DEMA11UG009
 A2.CM.01.01CM_1445MV
 A3.SN.01.DD1579
 A4.CD.97.97CD_KCC2
 A6.BY.13.PV85
 A6.IT.02.60000
 A6.RU.11.11RU6950
 A6.UA.12.DEMA112UA024
 B.AR.14.DEMB14AR003
 B.BR.10.10BR_MG035
 B.CU.14.14CU005
 B.DE.13.366396
 B.DE.13.947915
 B.DO.11.DEMB11DR001
 B.ES.15.100600
 B.FR.11.DEMB11FR001
 B.JP.12.DEMB12JP001
 B.PH.15.DEMB15PH003
 B.RU.11.11RU21n
 B.SE.15.10256
 B.TH.10.DEMB10TH002
 B.US.16.2609
 C.BR.11.DEMC11BR035
 C.CN.10.YNFL19
 C.DE.10.622166
 C.EG.15.100_118
 C.ET.08.ET104
 C.IN.15.NIRT008
 C.MW.09.703010256_CH256.w96
 C.NG.10.10NG020523
 C.NP.11.11NP016
 C.PK.14.DEMC14PK009
 C.SE.15.100ET
 C.TZ.08.707010457_CH457.w8
 C.US.14.M0118v1d14_5M04_C5
 C.ZA.13.DEMC13ZA152
 C.ZM.11.DEMC11ZM006
 D.BR.10.10BR_R3095
 D.CD.03.LA17M050
 D.CM.10.DEMD10CM009
 D.CY.06.CY163
 D.KE.11.DEMD11KE003
 D.SE.12.07706
 D.TZ.04.C06405V4
 D.UG.10.DEMD10UG004
 D.UG.11.DEMD11UG003
 D.YE.02.02YE516
 F1.AO.06.AO_06_ANG32
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BR.11.DEMF11BR037
 F1.CY.08.CY22
 F1.ES.11.VA0053_nfl
 F1.FR.04.LA22LeRe
 F1.RO.03.LA20DuCl
 F1.RU.08.D88_845
 F2.CM.10.DEMF210CM007
 F2.CM.11.DEURF11CM026
 G.CD.03.LA23Ied
 G.CM.08.789_10
 G.CM.10.DEMG10CM008
 G.CN.08.GX_2084_08
 G.CN.16.224GX
 G.ES.14.EUR_0033
 G.G0.08.A57LmNe
 G.KE.09.DEMG09KE001
 G.NG.12.12NG060409
 H.CD.04.LA19KoSa
 H.CF.02.LA25LeM1
 J.CD.03.LA26D1an
 J.CM.04.04CMU11421
 K.CD.97.97ZR_E0TB11
 K.CM.96.96CM_MP535
 01.AE.CM.11.1156_26
 01.AE.CM.12.DE00112CN011
 01.AE.IR.10.10IR_THR48F
 01.AE.JP.11.DE00111JP003
 01.AE.MM.14.FKSDU26
 01.AE.PH.15.DE00115PH012
 01.AE.SE.12.0705E
 01.AE.TH.10.DE00110TH001
 01.AE.TH.11.40436v09_04
 01.AE.TH.90.CM240
 02.AG.CM.10.DE00210CM013
 02.AG.DE.09.701114
 02.AG.KR.12.12MH11_10746
 02.AG.KR.12.12MHR9
 02.AG.LR.x.P0C44951
 02.AG.NG.12.12NG060304
 02.AG.NG.x.IBNG
 02.AG.PK.15.PK932
 02.AG.SE.14.098GN

B. FR. 83. HXB2
 02 AG. SN. 13. 9580
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 04 cpx. CY. 94. 94CY032 3
 05 DF. BE. x. V11310
 06 cpx. AU. 96. BF990
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 11 cpx. CM. 95. 95CM 1816
 12 BF. AR. 99. ARNA159
 13 cpx. CM. 96. 96CM 1849
 14 BG. ES. 05. X1870
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 16 A2D. KR. 97. 97KR084
 17 BF. AR. 99. ARMA938
 18 cpx. CU. 99. CU76
 19 cpx. CU. 99. CU7
 20 BG. CU. 99. CU103
 21 A2D. KE. 99. KER2003
 22 01A1. CM. 01. 01CM 0001B8Y
 23 BG. CU. 03. CB118
 24 BG. ES. 08. X2456 2
 25 cpx. CM. 02. 1918LE
 26 ASU. CD. 02. 02CD MBT047
 27 cpx. FR. 04. 04CD FR K25
 28 BF. BR. 99. BREPM12609
 29 BF. BR. 01. BREPM16704
 31 BC. BR. 04. 04BR142
 32 06A6. EE. 01. EE0369
 33 01B. ID. 07. JKT189 C
 34 01B. TH. 99. OUR1969F
 35 AD. AF. 07. 169H
 36 cpx. CM. 00. 00CMNYU830
 37 cpx. CM. 00. 00CMNYU926
 38 BF1. UY. 03. UY03 3389
 39 BF. BR. 04. 04BRJ179
 40 BF. BR. 05. 05BRJ055
 41 CD. TZ. 05. CO6577V5
 42 BF. LU. 03. LuBF 01 03
 43 02G. SA. 03. J11223
 44 BF. CL. 00. CH80
 45 cpx. FR. 04. 04FR AUK
 46 BF. BR. 07. 07BR FPS625
 47 BF. ES. 08. P1942
 48 01B. MY. 07. 07MYKT021
 49 cpx. CM. 03. N26677
 50 A1D. GB. 10. 12792
 51 01B. SG. 11. 11SG HM021
 52 01B. MY. 03. 03MYK1018 1
 53 01B. MY. 11. 11F1R164
 54 01B. MY. 09. 09MYSB023
 55 01B. CN. 10. HNC5102056
 56 cpx. FR. 10. URF5 pat1ent_A
 57 BC. CN. 09. 09YNLX19sg
 58 01B. MY. 09. 09MYPR37
 59 01B. CN. 09. 09LNA423
 60 BC. IT. 11. BAV499
 61 BC. CN. 10. J1100010
 62 BC. CN. 10. YNFL13
 63 02A. RU. 10. 10RU06637
 64 BC. CN. 09. YNFL31
 65 cpx. CN. 10. YNFL01
 67 01B. CN. 11. ANHUI HF115
 68 01B. CN. 11. ANHUI WH73
 69 01B. JP. 05. 05JPMYC113SP420
 70 BF1. BR. 10. 10BR PE004
 71 BF1. BR. 10. 10BR PE008
 72 BF1. BR. 10. 10BR MG002
 73 BG. DE. 01. 9196 01
 74 01B. MY. 10. 10MYPR268
 77 cpx. MY. 14. 14MYNB0090
 78 cpx. CN. 13. YNTC19
 79 0107. CN. 15. SX15DT013
 82 cpx. MM. 13. mSSDU12
 83 cpx. MM. 13. mSSDU94
 85 BC. CN. 14. 14CN SCY82
 86 BC. CN. 13. 15YNH518
 87 cpx. CN. 12. DH32
 88 01B. CN. 05. 05YNRL25sg
 90 BF1. BR. 11. BRG06043
 0. CM. 96. LA51YBF35
 0. CM. 96. LA52YBF39
 0. CM. 99. 99CMU4122
 0. CM. x. pCM02 3
 0. ES. 01. Read25 HIV_Group0
 0. FR. 06. RBF206
 0. GA. 10. 10Gabb1190
 0. GA. 11. 11Gabb6352
 0. SN. 99. 99SE MP1300
 0. US. 10. L2NP
 N. CM. 15. S4858
 N. FR. 11. FR 2011
 P. CM. 06. U14788
 P. FR. 09. RBF168
 CPZ. TZ. 06. TAN5
 CPZ. US. 85. US Marilyn
 GOR. CM. 12. SIVgor B0ID2
 GOR. CM. 13. SIVgor BPID15

normal Nef end
 YKLVPEVPDKIEE. ANKGENTSLHPVSLHGMD. PEREVLEWRFSRLAFHHVARELHPPEY. KN. C*

MD-SEV . . . E-N . . . CO . . . ED . . . V . . . LK-R-Q-L-F
 D-AEV . . . TE-N . . . ICO . . . E-K-M-K . . . LR-L . . . FY . . . D . . .
 D-QEV . . . TE-N . . . CO . . . E . . . K-K . . . YK . . . FY . . . D . . .
 N-EEV-K . . . E-DNC . . . M-Q . . . ED . . . Q-K . . . S . . . LR-I . . . R . . . FY . . . Q . . . D . . .
 D-EEV . . . LT . . . NC . . . ICO . . . AE . . . E . . . K-K . . . S . . . RR-I . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E-NC . . . CO . . . E . . . H . . . K-K . . . Q . . . HR-R . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E-DNC . . . CO . . . E . . . E . . . H . . . K-K . . . Q . . . HR-R . . . FY . . . D . . .
 D-KEV . . . TG-N . . . MCO . . . V . . . SGG . . . M . . . T . . . LK-I . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E-NC . . . M-Q . . . E . . . KHG . . . V . . . K . . . T . . . HK-I . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . E-NC . . . L-Q . . . T . . . ED . . . M-K . . . S . . . RR-I . . . DFY . . . D . . .
 D-REV-K . . . E-NC . . . CO . . . E . . . I . . . K . . . S . . . RR-I . . . K . . . WY . . . D . . .
 ID-KEV . . . E-NC . . . M-Q . . . IE . . . A . . . M . . . K . . . S . . . RK-I . . . FY . . . D . . .
 E-D-AEV . . . TG-N . . . ICO . . . IE . . . ADK . . . R . . . K . . . G . . . RR-I . . . R . . . DFY . . . D . . .
 D-SDV . . . N . . . NC . . . M-Q . . . E . . . E . . . K . . . Q . . . A . . . RK-I . . . Y . . . D . . .
 S-AEV . . . TE . . . TN . . . ICO . . . IE . . . E . . . K . . . V . . . H . . . LV . . . K . . . FY . . . D . . .
 E . . . K . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . ED . . . K . . . K . . . S . . . R . . . R . . . FY . . . Q . . . D . . .
 DSNEV . . . E-N . . . ICO . . . E . . . E . . . K . . . K . . . A . . . RR-I . . . Q . . . FY . . . D . . .
 D-KEA-K . . . DTE . . . NC . . . ACO . . . E . . . K . . . V . . . N . . . E . . . K . . . IK . . . FY . . . D . . .
 MD-AEV . . . N . . . N . . . ICO . . . E . . . N . . . I . . . S . . . RR . . . L . . . FY . . . D . . .
 D-SEV . . . DT . . . N . . . MCO . . . I . . . E . . . R . . . K . . . PH . . . LK-R-Q-K . . . FY . . . D . . .
 D-ADV . . . SN . . . N . . . ICO . . . E . . . DDK . . . M . . . S . . . RR . . . I . . . R . . . DFY . . . D . . .
 D-TEV . . . S . . . TN . . . ICO . . . E . . . SDK . . . I . . . K . . . S . . . RR . . . I . . . DFY . . . D . . .
 D-AEV . . . E . . . N . . . AM . . . E . . . S . . . G . . . M . . . K . . . Q . . . LR . . . T . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . A . . . E . . . N . . . M . . . E . . . E . . . K . . . M . . . K . . . RR . . . M . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-QV . . . E . . . N . . . M-Q . . . E . . . E . . . M . . . K . . . M . . . M . . . F . . . D . . .
 D-REV . . . A . . . N . . . M-Q . . . E . . . THG . . . M . . . K . . . L . . . RR . . . M . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . T . . . NC . . . IC . . . AE . . . E . . . G . . . M . . . S . . . RR . . . I . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-TEV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . IE . . . ED . . . K . . . Q . . . S . . . RR . . . I . . . Q . . . Y . . . D . . .
 D-SEV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . IE . . . E . . . T . . . M . . . K . . . A . . . RK . . . I . . . FY . . . D . . .
 D-AEV . . . K . . . D . . . E . . . N . . . MCO . . . E . . . E . . . T . . . M . . . K . . . T . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-EV-K . . . E . . . NC . . . M-Q . . . A . . . EDK . . . V . . . K . . . LR . . . I . . . R . . . FY . . . Q . . . D . . .
 D-EEV-R . . . E . . . DNC . . . M-Q . . . E . . . ED . . . V . . . K . . . K . . . R . . . Y . . . D . . .
 D-REV-K . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . E . . . K . . . Q . . . H . . . QR . . . L . . . K . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . TNC . . . M-Q . . . E . . . ED . . . I . . . Q . . . HR . . . I . . . Y . . . D . . .
 Q-QV-K . . . TE . . . E . . . N . . . M-Q . . . E . . . T . . . V . . . K . . . K . . . H . . . X . . . Y . . . D . . .
 MD-ADV . . . E . . . N . . . ICO . . . E . . . ED . . . V . . . S . . . RR . . . Y . . . D . . .
 D-EEV-K . . . E . . . G . . . M-Q . . . E . . . ADK . . . M . . . K . . . S . . . LR . . . I . . . RF . . . FY . . . Q . . . DD . . .
 D-KEV . . . T . . . NC . . . I-Q . . . IE . . . T . . . I . . . K . . . H . . . QR . . . L . . . K . . . FY . . . D . . .
 N-EEV-R . . . E . . . NC . . . I-Q . . . IE . . . E . . . Q . . . K . . . S . . . R . . . R . . . DFY . . . C . . . CIELN . . .
 D-EEV-K . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . ED . . . M . . . K . . . RH . . . SK . . . R . . . Y . . . D . . .
 D-QEV . . . D . . . SC . . . M-Q . . . E . . . E . . . M . . . K . . . S . . . RR . . . I . . . R . . . Y . . . D . . .
 QEEV-K . . . TE . . . G . . . NC . . . ICO . . . E . . . E . . . K . . . Q . . . K . . . S . . . RK . . . I . . . FY . . . D . . .
 D-QV-K . . . EK . . . NC . . . M-Q . . . N . . . E . . . K . . . M . . . K . . . LR . . . M . . . K . . . K . . . D . . . Y . . . D . . .
 D-KEV . . . D . . . SC . . . I-Q . . . OE . . . E . . . G . . . M . . . K . . . A . . . RT . . . T . . . FY . . . D . . .
 D-AEV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . I . . . K . . . S . . . RR . . . I . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . AE . . . E . . . K . . . M . . . K . . . A . . . RT . . . M . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . TT . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . E . . . K . . . M . . . K . . . A . . . RK . . . R . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . CO . . . E . . . EH . . . R . . . K . . . Q . . . HR . . . R . . . FY . . . R . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . IE . . . N . . . M . . . K . . . A . . . RK . . . I . . . K . . . Y . . . D . . .
 TKD . . . IEE . . . SSC . . . MCO . . . RVE . . . E . . . M . . . K . . . S . . . M . . . K . . . Y . . . D . . .
 D-KEV . . . TE . . . NC . . . CO . . . E . . . EH . . . M . . . K . . . H . . . S . . . M . . . WY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . EHG . . . R . . . K . . . Q . . . HK . . . R . . . FY . . . D . . .
 MD-AE . . . TE . . . N . . . ICO . . . LE . . . ED . . . V . . . K . . . D . . . R . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . CO . . . E . . . EH . . . M . . . K . . . Q . . . HR . . . R . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . S . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . EHG . . . V . . . K . . . M . . . HR . . . M . . . Q . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . D . . . KC . . . M-Q . . . E . . . E . . . H . . . M . . . K . . . A . . . RK . . . T . . . X . . . Y . . . D . . .
 D-RDV . . . D . . . R . . . DSC . . . I-Q . . . I . . . E . . . M . . . K . . . A . . . RK . . . I . . . D . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . ET . . . NC . . . MN . . . E . . . E . . . G . . . R . . . E . . . S . . . RK . . . I . . . Y . . . D . . .
 D-E-V . . . K . . . S . . . M . . . E . . . A . . . K . . . V . . . K . . . S . . . G . . . M . . . Y . . . D . . .
 L-EEV-K . . . SE# . . . NC . . . AN . . . PG . . . V . . . S . . . RR . . . M . . . Y . . . D . . .
 D-AE . . . T . . . N . . . ICO . . . E . . . XDN . . . R . . . T . . . S . . . RR . . . M . . . DFY . . . D . . .
 D-EV . . . A . . . NC . . . M-Q . . . V . . . ED . . . M . . . K . . . K . . . M . . . K . . . Y . . . D . . .
 D-REV . . . L . . . E . . . NC . . . CO . . . E . . . EH . . . M . . . K . . . RQ . . . RR . . . L . . . WY . . . D . . .
 D-REV . . . DT . . . E . . . NC . . . M-Q . . . I . . . G . . . M . . . K . . . T . . . RR . . . M . . . Y . . . D . . .
 D-G-V . . . A . . . DNC . . . MCO . . . E . . . EH . . . M . . . K . . . Q . . . RR . . . M . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . MCO . . . T . . . DH . . . R . . . K . . . A . . . RR . . . M . . . FY . . . D . . .
 D-REV . . . E . . . NC . . . M-Q . . . E . . . EH . . . K . . . K . . . H . . . YR . . . W . . . FY . . . D . . .
 S-EE . . . E . . . NC . . . MHO . . . E . . . DH . . . R . . . K . . . Q . . . RR . . . M . . . FY . . . D . . .
 D-SEV . . . E . . . NC . . . AWQ . . . E . . . E . . . H . . . M . . . K . . . H . . . K . . . W . . . FY . . . D . . .
 D-EEV-K . . . E . . . NC . . . CO . . . E . . . E . . . G . . . Q . . . L . . . E . . . Y . . . D . . .
 TEEEA . . . GLGTT . . . KA . . . AHN . . . FE . . . DOG . . . I . . . K . . . Q . . . RS . . . GLK . . . L . . . L . . . P . . .
 SEEEA . . . RLG . . . C . . . RAK . . . ACA . . . YG . . . QHG . . . M . . . K . . . Q . . . RS . . . GST . . . LIT . . . L . . . H . . . D . . .
 SEAEA . . . LG . . . C . . . VTKA . . . ACN . . . SE . . . HG . . . I . . . K . . . Q . . . RS . . . GNI . . . KVT . . . L . . . L . . . D . . .
 SEAEA . . . LG . . . C . . . RAK . . . ACN . . . FG . . . HG . . . I . . . K . . . Q . . . S . . . GR . . . MIT . . . DL . . . H . . . D . . .
 SEEA . . . RLG . . . TCVRA . . . ACA . . . W . . . HG . . . I . . . M . . . K . . . RS . . . GNT . . . NITN . . . L . . . Q . . . K . . .
 SEEEA . . . RLG . . . C . . . RA . . . ACD . . . HE . . . HK . . . M . . . K . . . Q . . . RA . . . GIN . . . LQ . . . L . . . P . . .
 SEAEA . . . RLG . . . TC . . . DAG . . . CA . . . FE . . . EHK . . . I . . . M . . . K . . . RS . . . ST . . . LIT . . . L . . . Q . . .
 TE . . . EAKRLG . . . ECVRAH . . . ACA . . . FE . . . HG . . . I . . . K . . . K . . . S . . . GLT . . . SKVI . . . L . . . T . . . D . . .
 SEAEA . . . LG . . . CDRAK . . . CN . . . FE . . . HK . . . M . . . K . . . Q . . . RS . . . GST . . . LIT . . . L . . . L . . . D . . .
 MEEV . . . E . . . NC . . . MCO . . . T . . . RR . . . V . . . V . . . Q . . . S . . . RR . . . M . . . Y . . . D . . .
 LSAEA . . . TE . . . N . . . ICO . . . V . . . DHK . . . V . . . S . . . RR . . . K . . . Y . . . D . . .
 SEVEA . . . MGD . . . Q . . . KAK . . . ACTY . . . FS . . . HK . . . I . . . V . . . K . . . S . . . GRE . . . LQK . . . L . . . I . . . D . . .
 SEVEV . . . MGDEQ . . . KAK . . . ACTY . . . DS . . . HH . . . I . . . M . . . K . . . RS . . . GER . . . LQK . . . L . . . T . . . D . . .
 D-PE . . . ED . . . RNL . . . ACS . . . K . . . G . . . L . . . I . . . S . . . RR . . . I . . . R . . .
 LTEEEV . . . Q . . . TN . . . I . . . MCO . . . E . . . EHG . . . I . . . Q . . . TE . . . RR . . . R . . . K . . . R . . .
 SEAEA . . . MG . . . N . . . RAK . . . ACN . . . YG . . . EHQI . . . K . . . Q . . . RS . . . GNN . . . LA . . .
 SEAEA . . . YMG . . . D . . . RAK . . . ACTY . . . FS . . . HK . . . I . . . V . . . KY . . . RS . . . GTQ . . . LMK . . . L . . . I . . . D . . .

205
 209
 203
 220
 207
 206
 207
 207
 208
 209
 206
 200
 208
 201
 217
 204
 207
 207
 204
 208
 208
 209
 224
 137
 208
 208
 210
 212
 223
 207
 205
 203
 206
 131
 132
 206
 216
 213
 208
 208
 215
 207
 208
 208
 207
 206
 99
 205
 211
 205
 206
 213
 206
 84
 208
 206
 129
 207
 208
 208
 208
 212
 208
 208
 208
 97
 205
 221
 208
 209
 212
 200
 206
 109
 109
 207
 210
 208
 212
 212
 212
 213
 213
 204
 214
 212
 103
 209
 212
 218
 210
 196
 210
 211
 211



VI

HIV-2/SIV Proteins

Contents

VI-1	Introduction	369
VI-2	Annotated features	370
VI-3	Sequences	371
VI-4	Alignments	376
VI-4.1	Gag	376
VI-4.2	Pol	380
VI-4.3	Vif	387
VI-4.4	Vpx	389
VI-4.5	Vpr	390
VI-4.6	Tat	391
VI-4.7	Rev	392
VI-4.8	Env	394
VI-4.9	Nef	400

VI-1 Introduction

The number of HIV-2 and SIV sequences is growing much more slowly than for HIV-1, particularly for complete or near-complete genomes. In selecting the set of sequences to present here, we eliminated some sequences derived from the same sample, patient, or isolate. We further omitted a few that were very closely related.

In addition to the proteins from the full genome alignment, we have included additional gene-length fragments available for each protein. There are many additional gene-length sequences included for Env, Vif, and Nef, and a few for the other genes. The differing numbers of sequences in each protein alignment represent the differing availability of gene-length HIV-2 sequences.

In these alignments, as in the database, we label sequences according to their native host. Thus, transfers of SIVsmm into humans have produced HIV-2 groups A through G. Unintentional transfers of SIVsmm into captive macaques are named according to the receptive host (Rhesus macaques = mac, Stump-tailed macaques = stm, and Pig-tailed macaques = mne). However, intentional, experimental cross-species transfers of virus remain labeled as being from the original host (e.g., HIV-1 injected into a chimpanzee is labeled HIV-1, not SIVcpz; and SIVsmm injected into a Rhesus macaque is labeled SIVsmm, not SIVmac).

VI-2 Annotated features

Features of HIV-2 annotated in the alignment that follows.

Feature	Protein	Location	Page
Gag p15 start	Gag	1	376
p15 end	Gag	135	376
p27 start	Gag	136	376
p27 end	Gag	364	378
p2 start	Gag	365	378
p2 end	Gag	381	378
p8 start	Gag	382	378
p8 end	Gag	433	378
p1 start	Gag	434	378
p1 end	Gag	447	378
p6 start	Gag	448	378
PTAP motif	Gag	458-461	378
PSAP in HIV-2 B, U	Gag	476-479	378
p6 end	Gag	511	379
Gag end	Gag	511	379
Pol p15 start	Pol	1	380
p15 end	Pol	67	380
protease start	Pol	68	380
protease end	Pol	166	381
p51 RT start	Pol	167	381
D catalytic site	Pol	276	381
DD catalytic site	Pol	351	382
p51 RT end	Pol	605	383
p15 RNase H start	Pol	606	383
p15 RNase H end	Pol	725	384
p31 Integrase start	Pol	726	384
p31 Integrase end	Pol	1020	386
Pol end	Pol	1020	386
Vif start	Vif	1	387
Vif end	Vif	215	388
Vpx start	Vpx	1	389
Vpx end	Vpx	113	389
Vpr start	Vpr	1	390
Vpr end	Vpr	102	390
Tat start	Tat	1	391
exon 1 end	Tat	99	391
exon 2 start	Tat	100	391
Tat end	Tat	131	391
Rev start	Rev	1	392
exon 1 end	Rev	24	392
exon 2 start	Rev	25	392
Rev end	Rev	108	393
Env start	Env	1	394
signal peptide end	Env	22	394
gp120 start	Env	23	394
V1	Env	113-167	394
V2	Env	169-211	395
V3	Env	311-344	396

Feature	Protein	Location	Page
V3 tip	Env	328-334	396
V4	Env	402-432	396
V5	Env	472-477	397
gp120 end	Env	525	397
gp41 start	Env	526	397
Env end	Env	880	399
gp41 end	Env	880	399
Nef start	Nef	1	400
R17Y mutation	Nef	17	400
max HIV-1 similarity	Nef	153-182	400
premature stop in Mac239	Nef	93	400
normal Nef end	Nef	264	401

VI-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	All	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	All	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1): 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	All	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	All	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.FR.00.LA38	KY025539	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.01.LA42	KY025543	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.02.LA36GomM	KU168287	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
A.FR.93.LA37	KY025538	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.96.LA40	KY025541	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA39	KY025540	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA41	KY025542	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.GH.x.GH1	M30895	All	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	All	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	All	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	All	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	All	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	All	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	All	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.IN.x.NIM_8	DQ973520	Gag	Gurjar, R.S.	<i>ARHR</i> 25 (3); 363-72 (2009)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.NL.01.RH2.13	MF595856	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.14	MF595858	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.3	MF595854	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.01.RH2.7	MF595862	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.02.RH2.5	MF595860	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.03.RH2.21	MF595864	All	Lungu, C.	Unpublished
A.NL.03.RH2.24	MF595866	All	Lungu, C.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	All	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9): 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	All	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	All	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	All	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	All	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	All	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.FR.00.LA44	KY025545	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
B.FR.98.LA43	KY025544	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
B.GH.86.D205_ALT	X61240	All	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	All	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
F.US.08.NWK08	KP890355	All	Bond, N.G.	Unpublished
G.CI.92.Abt96	AF208027	All	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	All	Gao, F.	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	All	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	All	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	All	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	All	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	All	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	All	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	Gag, Pol, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	All	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.04.G078	JX860415	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	All	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ_6P6	L09212	All	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 67 (5):2466-2474 (1993)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	All	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	All	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
STM.US.89.STM_37_16	M83293	All	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
A.FR.02.001006_CNA_vif	KP226314	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.012100_CNA_vif	KP226327	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.013050_CNA_vif	KP226332	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.045009_CNA_vif	KP226354	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.052004_CNA_vif	KP226358	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.008010_CNA_vif	KP226318	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.009041_CNA_vif	KP226323	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.012101_CNA_vif	KP226328	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.036019_CNA_vif	KP226351	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018042_CNA_vif	KP226341	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.031014_CNA_vif	KP226348	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.038004_CNA_vif	KP226352	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.048012_CNA_vif	KP226356	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.PT.93.JAU1	L28935	Vif	Ribeiro, A.C.	<i>ARHR</i> 14 (5):465-469 (1998)
B.FR.00.045004_CNB_vif	KP226389	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.04.009011_CNB_vif	KP226367	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.07.031016_CNB_vif	KP226385	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.013048_CNB_vif	KP226378	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.016002_CNB_vif	KP226380	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.026008_CNB_vif	KP226384	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.519012_CNB_vif	KP226394	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.009042_CNB_vif	KP226370	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.013039_CNB_vif	KP226376	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.013040_CNB_vif	KP226377	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.018038_CNB_vif	KP226382	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.SN.x.A2057	U81849	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81845	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81837	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.US.93.7924A	U81835	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.GM.90.CBL24	AJ238995	Env	Vella, C.	<i>ARHR</i> 15 (15); 1399-402 (1999)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.GM.x.CBL21	U05350	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GM.x.CBL22	U05351	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.06.CA65316_9	JN863892	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65319_7	JN863893	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65330_5	JN863894	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65409_14	JN863896	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7205_8	JN863897	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7253	JN863898	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2): 930-46 (2012)
A.GW.x.CAM1	U05359	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM3	U05355	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM4	U05356	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM5	U05357	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM6	U05358	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.PT.00.00PTHCC20_1	GU983949	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.03.ABG	JF683340	Env	Dias-Rito, E.I.	Unpublished
A.PT.03.P1_6	KX791209	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P2_7	KX791214	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P3_12	KX791221	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P4_11	KX791227	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.04.P6_3	KX791229	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.10.P7_10	KX791235	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.10.P8_6	KX791239	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.92.93PTHDESC_13	JX219596	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.98.98PTHDECT_13	GU983928	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
B.x.06.8704A_06_01	JX235884	Env	Kong, R.	<i>J Virol</i> 86 (2): 947-60 (2012)
MAC.US.x.750.p4i3	KJ201187	Env	Sandler, N.G.	<i>Nature</i> 511 (7511); 601-5 (2014)
SMM.US.00.FBr_12wpi	KF477994	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
SMM.US.10.FPY_154wpi	KF478124	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
A.GW.03.20P2C9_8	KX668892	Nef	Heigele, A.	<i>Cell Host Microbe</i> 20 (3):381-391 (2016)
A.GW.03.29P2E9_6	KX668893	Nef	Heigele, A.	<i>Cell Host Microbe</i> 20 (3):381-391 (2016)
A.PT.x.1139	AJ344392	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1147	AJ344390	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.PT.x.1148	AJ344377	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1215	AJ344393	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1227	AJ344391	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1268a	AJ344395	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1320	AJ344394	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1378	AJ344414	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.138	AJ344378	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1428	AJ344408	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1543	AJ344405	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1544	AJ344407	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1567	AJ344409	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.268	AJ344410	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.293a	AJ344399	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.427d	AJ344415	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.483	AJ344401	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.511	AJ344402	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.546	AJ344403	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.741	AJ344384	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.794	AJ344388	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.956	AJ344369	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.B1_1	AJ344406	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.EP	AJ344387	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.LF3	AJ344383	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.MP2	AJ344386	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.P1	AJ344381	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)

	Gag p15 start		p15 end_p27 start	
MAC.US.x.239	MGVRRNSVLSGKKADELEKIRLRLPQNGKKYMLKHVVWAANELDRFLGAEISLLENKEGCKQIKLSVLAPLVPTGSENLKSLYNTVCVCIWIIHAEKVKHTEEAQIVORHVLVETGTTETMPKTSRPTAPSSGRGNGYVQVQ	IGGNYVHPLSPRTLNAWVKLIEEKKFGAE	169	
A.CI.88.UC2	-A--R-----G--R-I-----R-N-S-----T-D-----F-----L-----D-----KL--A--A-K-N-----P-K-F--A--V-----V-----V-----		169	
A.DE.x.BEN	-A--R-----V-G--R-I-----K-----S-----R-D-----F-----L-----D-----KLA--A--A-K-N-----P-KR--A--V-----V-----V-----		169	
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-A-S--R--V--G--R-I-----GK-----S-----IT-D-----F-----L-----D-----D-G--A--ADK-S--A--P--F--A--S-V-----V-----V-----		169	
A.FR.00.LA38	-A--R-----V-G--R-I-----D-----S-----IT-D-----F-----L-----D-----IK--R--A--A-K-S-----P--F--A--T-M-----V-----V-----		169	
A.FR.01.LA42	-A-S--R--L--G--R-R-I-----T-----I-D-----F-----R-----D-----R-IR--AA-A--K-S-----P--F--A--T-V-----V-----V-----		169	
A.FR.02.LA36gomM	-A--R-----T-G--R-R-I-----N-S-----IT-D-----F-----R-----D-----D-A-K--AA--E-A-K-N-N-----P-K-F--S--A--T-V-----V-----V-----		169	
A.FR.93.LA37	-A-S--R--R--R--R-I-----K-----S-Q-----I-D-----F-----V-----RD--AA--A-K-N-----P-K-F--VA--T-M-----V-----V-----		169	
A.FR.96.LA40	-A--K-----V-G--R-I-----D-----S-K-----T-E-----F-----D-----D-G--AA--K-A-K-D-----P-K-F--V--T-I-----V-----V-----		169	
A.FR.98.LA39	-A--K-L-T-T-G--Q-----I-----IT-E-----R-F-----F-----V-----D-G--V--A--K-K-A-----P-GT-F--S-V--T-M-----V-----V-----		169	
A.FR.98.LA41	-A--R-----S-----R-I-----K-----S-----IT-E-----R-F-----F-----V-----D-K--GA--KE-A-K-S-----P-KA-F--H--Q-S-V-----V-----V-----		169	
A.GH.x.GH2	-A--R-----V-----R-R-I-----K-----E-----F-----L-----D-----KL--A--A--K-NI-----P-K-R-F--TG--I-V-----V-----V-----		170	
A.GM.87.D194	-A--R-----V-G--R-R-I-----K-----E-----F-----L-----D-----KL--A--A--K-NI-----P-K-F--A--I-V-----V-----V-----		169	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-AK--R-----G--R-I-----T-----S-----I-E-----F-----T-----L-----D--R-G--A--E-A-K-NI-----P-K-F--V--T-V-----V-----V-----		169	
A.GM.x.MCN13	-A--K-----T-G--R-I-----T-----S-----R-T-G-----F-----T-----L-----D-G--AA--A-K-N-----P-K-F--V--T-V-----V-----V-----		169	
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-A--R-----V-G--K-----I-----S-----R-K-D-----F-----F-----D-----D-G--AA--A-K-N-----P-K-F--VA--T-V-----G-----V-----		167	
A.GW.87.CAM2C6	-A--R-----V-G--R-I-----S-----S-----R-K-D-----F-----F-----D-----D-G--R-AL--AA--A-K-D-----P-K-F--S--T-V-----V-----V-----		169	
A.GW.x.MDS	-A-S--R--V--G--R-R-I-----S-----T-----I-D-----F-----F-----D-----D-KFAR--A--A-K-N-----P-K--N--T-V-----V-----V-----		169	
A.IN.07.NNVA	-AK--R--R--G--RV-----T-----S-----T-D-----F-----F-----D-----D-KL--A--A--K-N-----P-EG-F--R--T-V-----V-----V-----		169	
A.IN.95.CR1K 147	-AKS--R--R--G--R-----K-----T-----S-----T-D-----F-----F-----D-----D-K--A--A--K-N-----P-G-F--H--T-V-----V-----V-----		169	
A.IN.x.NIM 8	-A--R-----R--G--R-----S-----S-----T-D-----S-----R-F-----F-----F-----D-----K--A--A--K-N-----P-KA-F--S--S-V-----V-----V-----		169	
A.NL.01.RH2 13	-A-S--R--R--G--R-R-I-----I-----N-----E--R-N-I-----F-----T-----L-----D--RV--A--A-ADK-DK-----P-G-R-F--VA--T-V-----V-----V-----		169	
A.NL.01.RH2 14	-A--R-----R--G--R-R-I-----I-----N-----S-----T-D-----F-----T-----L-----D--K--AA--A-K-S-K-----P-G-K--H--T-V-----V-----V-----		169	
A.NL.01.RH2 3	-A-S--R--R--G--R-R-I-----N-----E--R-N-N-----F-----T-----L-----D--KV--A--A-ADK-N-----P-G-R-F--VA--T-V-----V-----V-----		169	
A.NL.01.RH2 7	-A-S--R--R--G--R-R-I-----I-----N-----E--K-N-----F-----T-----L-----D--KV--AA--ADK-D-----P-G-K-F--VA--T-V-----V-----V-----		169	
A.NL.02.RH2 5	-A--R-----V-G--R-R-I-----I-----H-----T-----D-----F-----R-----L-----D--G--V--AA--ADK-S-----P-KA-F--N--T-V-----V-----V-----		169	
A.NL.03.RH2 21	-A-S--R--R--G--R-R-I-----I-----H-----T-----D-----F-----L-----D-----D-G--V--AA--ADK-S-----P-K--VA--T-I-----V-----V-----		169	
A.NL.03.RH2 24	-A-S--R--R--G--R-R-I-----I-----H-----A-----D-----F-----L-----D-----D-G--V--AA--ADK-S-----P-K--VA--T-I-----V-----V-----		169	
A.PT.x.ALI	-A--R--R--R--G--Q-----I-----S-----R-K-E-----F-----V-----V-----D-G--I--AA--IE-A-K-S-----P-EQ-F--VA--T-V-----D-----V-----		169	
A.SN.85.RD0	-A--R--R--R--G--R-----I-----K-----S-----T-D-M-----F-----V-----V-----D-G--R--A--A-K-S-----E-K--F--H-V--T-I-----V-----V-----		169	
A.SN.86.ST JSP4_27	-A--R-----R-----I-----K-----S-----T-D-----F-----V-----V-----D-G--K--R--A--A-K-S-----P-N--F--VA--T-V-----V-----V-----		169	
B.CI.88.UC1	-A-S--T--V--G--R-C--II-V--Y--T--S--H--T--M-----F--Y--L--D--K-A--AAD--K-A--P--A--M-----V-----V-----V-----		164	
B.CI.x.20.56	-A-G--T--V--G--R-C--I--V--E--Y--T--S--Q--H--T--M-----F--Y--L--D--K-A-S--ADK--K-A--P--A--S-V-----V-----V-----		164	
B.CI.EH0	-A--T--V--G--R--I--V--E--Y--R--GS--R--RK--G--M-----F--L-----D--K-A--AAD--K--AM-K-SK--T--RLA--A--S-----V-----V-----V-----		164	
B.FR.00.LA44	-A--T--V--GA-R-K--I--V--Y--S--H--T--M-----F--Y--L--D--RK-A-S--A-N--KT-A-K--P--G--VA--S-----V-----V-----V-----		164	
B.FR.98.LA43	-A-G--T--V--G--R-I--V--Y--S--H--T--K-A-V-E-----F--Y--L--D--K-TR--D--KT-A-NK--P--G--LA--T-----V-----V-----V-----		164	
B.GH.86.D205 ALT	-A-G--T--V--G--R-I--V--Y--S--H--T--K--V-----F--I--F--L--D--K-A--AAD--K-A-NK--P--G--LA--T-----V-----V-----V-----		164	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A-G--T--V--G--C--I--V--Y--S--H--T--E-----F--Y--L--V--D--D--K-A-S--AAN--K-A-K--P--R--VA--T-----V-----V-----V-----		164	
F.US.08.NMK08	-A-Y--V--G--II-K--D--Q--R-E-T-M-----V--L-----L--A--K-A-KI-AK--P--V-----V-----V-----V-----		167	
G.CI.92.Abt96	-A-S--T--V--G--S-----S-----K-V-A--I--P-----V-----V-----V-----V-----V-----		169	
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-S--T--V--G--R--I--V--T--S--K-----F--L-----D--K-A--A-DA--K-TA-NK--P--A--V-----V-----V-----V-----		163	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A-G--T--V--G--R--I--N--S-----T--M-----F--L--K--D--KLA-S--D--KT-TADK-A-T--R-S--VA--V-----V-----L-----V-----		164	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-A-G--T--V--G--R--I--T--M-----V--F--L--K--D--KLA-S--AAA--KA-T--ADKPAATSS--VA--V-----V-----V-----V-----		164	
H2 01 AB.JP.07.NNC716 01	-A-G--ET--V--G--R--I--T--M-----V--F--L--Q--D--KLA-S--AAA--KA-A--ADKPAATSS--VA--V-----V-----V-----V-----		164	
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-A-G--T--V--G--R--I--T--M-----V--F--L--K--D--KLA-S--AAA--KT-TPTADKPAATSS--VA--V-----V-----V-----V-----		166	
U.CI.07.07IC TNP3	-A-H--T--V--R-----S-----T-----L-----L--A--ADK-A--P--R-----V-----V-----V-----V-----		169	
U.FR.96.12034	-A-#--V--V--A-----A-----T-----L-----L--A--E-A-K-A--X-P-----R-----A-----V-----V-----V-----		168	
MAC.US.x.251 1A11	-A-----G-----A-----I-----V-----V-----V-----V-----		169	
MAC.US.x.251 32H PJ5	-A-----G-----A-----A-----V-----V-----V-----V-----		169	
MAC.US.x.251 BK28	-A-----G-----A-----A-----V-----V-----V-----V-----		169	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-A-----G-----M-----A-----F-----T-----V-----V-----V-----V-----		169	
MNE.US.82.MNE 8	-A-----G-----A-----A-----V-----T-----V-----V-----V-----		169	
MNE.US.x.MNE027	-A-----G-----D-----A-----A-----KR-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.CI.79.SIVsmC12	-A--Q--V--G--L-----D--S--H--A-----F-----F-----ADK--A--PG-K--V--T-----V-----V-----		169	
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-A--Q--V--R-----D--D--R--V-----F-----L-----AD-V--P-D-R--M-----V-----V-----V-----		168	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A--V--G--R--I-----S-----R--V-----M--N--K--A--NE-ADQL-A--P--KR-----V-----V-----V-----		169	
SMM.SL.92.SI92B	-A--V--G--R--II--R--S-----S-----R--A--M-----FS--V--L--M--D--KT--S--S--A--KL-AQ--P--V--N--T-----V-----V-----		167	
SMM.US.04.G078	-A--C-----R--R-----D-----I-----L-----R-----R-----ADK--T-----P--K--V--T-----V-----R-----V-----		169	
SMM.US.04.G932	-A--V-----R-----T-----I-----L-----A--A--I-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.04.M923	-A--V-----G-----R-----K-----R-----ADK--A-----P-----V-----T-----V-----R-----V-----		169	
SMM.US.04.M940	-A--V-----R-----T-----R-----N-----R-----K-----AD--A-----P-----AR-----V-----T-----V-----R-----V-----		169	
SMM.US.04.M947	-A--T-----V-----G-----I-----T-----R-----N-----L-----V-----ADK--A-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.04.M950	-A--T-----V-----G-----I-----T-----R-----L-----V-----ADN-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.05.D215	-A--C-----T-----V-----G-----R-----I-----Q-----E--AG-----P--MR-----V--I--Q-----V-----V-----		169	
SMM.US.06.F10	-A--T-----V-----D-----Q-----AD--A-----P-----V-----V-----V-----V-----		169	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A--S-----V-----G-----X-----T-----ADK-----P-----V-----V-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.F236_H4	-A--E-----V-----G-----ADR--A-----P--MK-----V-----V-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.H9	-A-----G-----R-----K-----I-----R-----L-----ADK--A-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.PBJ 6P6	-A-----G-----R-----K-----I-----T-----A-----L-----ADK--A-----P-----K-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.PG53	-A-----G-----D-----I-----A-----ADK--A-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.SNE543	-A-----G-----D-----I-----A-----ADK--A-----P-----V-----T-----V-----V-----		169	
STM.US.89.STM 37_16	-A-S-----V--G-----S-----IT-E-----F-----V-K-----ANK--A-----P-----V-----V-----V-----V-----		169	

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.IN.x.NIM 8
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.NL.01.RH2 13
A.NL.01.RH2 14
A.NL.01.RH2 3
A.NL.01.RH2 7
A.NL.02.RH2 5
A.NL.03.RH2 21
A.NL.03.RH2 24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NWK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PG053
SMM.US.x.SNES43
STM.US.89.STM 37 16

VVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDHQAAMQIIRDIINEEAADWDLQHPQ...	PAP.Q0GQLREPSGSDIAGTSSVDEQIQWYRQONPIPVGNIGYRRYIQLGLQKVRMYNPTNILDVKQGPKEPFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVKNMNTQTLLIQNANPDCKLVLK	336
-----Q-----E-----A-I-G-LPA-D-R-----T-----V-----I-----V-----S-----A-P-----V-----	-----K-----I-----	337
-----S-I-G-LPA-D-R-----T-----P-----V-----I-----K-----I-----	-----	337
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----N-----	337
-----A-V-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----VA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----T-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----T-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----AN-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----P-----V-----I-----	-----	338
-----A-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----P-----V-----I-----	-----S-----	337
-----V-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----E-----V-----I-----	-----S-----	336
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----	-----I-----	337
-----VA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----	-----IN-----	337
-----AN-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----A-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----	337
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----E-----F-A-----V-----I-----	-----	337
-----A-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----	337
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----E-----F-A-----V-----I-----	-----	337
-----AA-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----L-----P-----V-----I-----	-----	337
-----AA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----	-----N-----	337
-----VA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----S-----	337
-----VA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----	-----	337
-----AA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----	337
-----V-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----	-----C-----I-----S-----	337
-----G-V-----TA-I-G-LPA-R-----T-----E-----P-----V-----I-----	-----CA-----I-----S-----	337
-----G-V-----TA-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-PR-----V-----I-----	-----	337
-----E-V-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----	-----	337
-----A-I-G-LPA-R-----T-----E-----F-P-----V-----S-----I-----	-----	337
-----O-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----	-----S-----	332
-----O-S-G-LPA-D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----	-----	332
-----O-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----	-----	332
-----G-KE-----O-S-G-LPA-D-R-----T-----E-----H-----A-----V-----I-----	-----I-----I-----G-----LEQS-----V-----	332
-----D-----O-S-G-MPA-D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----	-----	332
-----D-----Q-S-G-MPA-D-R-----T-----E-----P-----V-----I-----	-----	332
-----E-----A-R.QL-APP-D-----T-----E-----E-----G-V-Q-----V-----	-----	334
-----L-----E-----E-----X-----QG-PPA-X-T-----TIE-TH-----	-----	337
-----E-----D-----Q-S-G-LPA-D-R-----T-----E-----G-----I-----I-----	-----P-----S-----V-----	331
-----V-----O-V-G-LPA-D-R-----T-----E-----G-S-----	-----A-T-RA-E-----V-----	332
-----V-----O-V-G-LPA-D-R-----T-----E-----G-S-----	-----A-T-RA-E-----	332
-----V-----O-I-G-LPA-D-R-----T-----E-----G-SV-----	-----Q-RA-E-----V-----	334
-----E-----I-N-G-LPA-R-----T-----E-----P-----	-----S-----	337
-----E-----D-----T-N.OG-PPA-R-----T-----E-----P-----	-----	336
-----	-----	336
-----	-----	336
-----S-----L-----O-----T-----E-----	-----P-----	336
-----I-----E-----O-----T-----K-----S-----IR-----	-----P-----	336
-----E-----KE-----N.VG-LPA-----T-----V-----R-----	-----P-----	337
-----E-----S-IPA-R-----T-----AA-----V-----I-----	-----P-----	337
-----E-----RGQQAQPA-G-----TPS-E-A-V-D-----M-----C-----	-----P-----	337
-----E-----G-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-IPA-D-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----QG-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-IPA-D-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-LPA-T-----T-----E-----V-----I-----K-----	-----P-----	337
-----V-----P-MG-IPA-D-R-----T-----E-----E-----V-----A-----	-----P-----	337
-----E-----P-----R-----T-----E-----	-----VI-----	338
-----E-----G-IPA-D-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----E-----G-IPA-R-----TX-----S-----	-----P-X-----	337
-----E-----G-IPP-R-----T-----S-----	-----P-S-----	337
-----E-----G-LPA-R-----T-----E-----	-----P-----	337
-----L-----E-----KE-----M-----P-G-LPA-----PE-----V-----T-----A-PS-----R-----	-----	338

	p27 end_p2 start	p2 end_p8 start	p8 end_p1 start	p1 end_p6 start	PTAP motif	SPAS in HIV-2 B, U	
MAC.US.x.239	GLGVNPTLEEMLTACQGVGGQKARLMAEALKEALAPVLPFAAAQQR.....
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GM.x.GH2
A.GM.07.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.FG c1one NIHZ
A.GW.07.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.IN.x.NIM 8
A.JP.08.NMC706 c1one 41
A.NL.01.RH2 13
A.NL.01.RH2 14
A.NL.01.RH2 3
A.NL.01.RH2 7
A.NL.02.RH2 5
A.NL.03.RH2 21
A.NL.03.RH2 24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4 27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020 1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.02.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F1Q
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.(FU)212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.x.SNES43
STM.US.89.STM 37 16

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.90.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCNI13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.98.NMC786 c1one 41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHD
B.FR.90.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.Nwk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.S192B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F238_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

p51 RT end p15 RNase H start

KIILSQEEGCYYOEGKPLEATVIKSDNQWSYKIHQEDKI.LKVGFKAFIKNTHTNGVRLLAHVIOIKIGKEAIVINGQVPKPHLPVEKQDVMQWTDYQVQTWIPEDWFISTPPLVRLVFNLVKDPIDEGEETYDYGSCNKKOSKEGKAGYITDRGKDVKVLEQTNNQO	642
R--D---H---E--E--IO---T---E---Y-----0-V---L---RI---RET---DN---V---T---G---P-T-F-----R---V---R---R-----	655
-----Y---E---IO---GH---T---E---Y-----0-V---L---RI---RET---DN---V---T---G---P-A-F-----R---V---R---R-----	655
-----0-D---T---GE---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---G---P-A-F-----R---V---R---RI-----	655
R---H---0-D---T---GE---Y---R-A---0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---GE---P-S-F-----R---V---R---R---G-----	654
-----Y---E---T---V-GE---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---D---V---A---G---P-A-F-----R---V---R---R-----	655
R---H---0-D---T---V-G---Y---V---0-V---L---RI---RET---DN---V---A---G---P-A-F-----R---V---R---R-----	655
-----0-D---T---GE-V---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---G---P-V-F-----R---V---R---RM-----	658
-----0-D---T---GE---Y---V---0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---P-A-F-----R---V---R---R-----	658
R---H---0-D---T---V-GE---Y---V---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---G---P-T-F-----R---V---R---R-----	658
-----Y---E---IO-N---T---E---Y-----0-V---L---RI---RET---DN---D---V---T---G---P-A-F-----R---V---R---R---R-----	653
-----S---E-E-E---A---GERV---Y-----0-V---L---R---R-T---DN---V---V---T---G---P-T-F-----R---V---R---R---S-----	655
R---H---0-D---T---V-GE---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---P-A-F-----R---V---R---RI-----	655
-----K---H---0-D---T---V-GE---#S---Y---#---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---PRT---F-----R---V---R---RM-----	655
-----Y---E---E---#S---Y---#---0-V---L---RI---R-T---DN---D---V---A---GE---VP-A-F-----R---V---R---R-----	654
RV---H---0-D---T---V-GE---Y---H---#---K---0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---G---P-T-F-----R---V---R---I-----	654
R---H---K---0-D---T---V-GE---Y---V-A---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---P-A-F-----R---V---K---R-----	655
R---H---K---0-D---T---V-GE---Y---V-A---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---P-A-I-----R---V---R---R-----	655
R---H---0-D---T---V-GE---Y---V-A---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---P-T-F-----R---V---R---R-----	655
-----H---0-D---T---E---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---DN---D---V---T---G---PDA---F-----R---V---K---R-----	655
-----H---E---E---0-D---T---V-GE---Y---A---L---0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---E---PDA---F-----R---R---R-----	655
-----H---E---E---IO-DH---T---E---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---ES---P-V-F-----R---R---R-----	655
R---H---E---E---L-D---T---E---Y---V---0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---GE---P-T-F-----R---R---R-----	655
-----H---E---E---0-D---T---GE---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---DN---D---V---A---GE---P-T-F-----R---R---R-----	655
-----H---E---E---0-D---T---GE---Y-----Y-----0-V---L---RI---RET---D---D---V---A---P---F-----R---R---R-----	655
R---H---0-D---T---GE---E---Y-M---0-V---L---RI-R---RET---D---D---V---A---L-A-F---P---R-----R---R-----	655
R---H---0-D-E---T---E---Y---V---I---0-V---L---RI---R---RET---DN---D---V---A---G---P-A-F---R-----R---R---K-----	656
-----H---E---E---0-D---T---GG---Y---V---0-V---L---RI---R-T---DN---D---V---A---G---L-A-F---R-----R---R---RL-----	655
-----S---K---V---0-NLA---T---GMR---Y---V---V---L---EI-V---RET-D---V---AY---L-KV---RA---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---GNRT---Y---V---V---L---EI-M---RET-D---V---AY---L-KV---RA---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---G---Y---V---V---L---EI-M---RET-D---V---AY---L-KV---RA---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---G---Y---V---V---L---EI-M---RET-D---V---AY---L-KV---RA---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---GN-R---Y---V---V---L---EI-V---RET-D---V---AY---L-K---RT---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---G-R---R---Y---V---V---L---EI-V---RET-D---V---AY---L-K---RT---V---R-----	656
-----S---K---V---0-NLA---T---G-R---R---Y---V---V---L---EI-M---RET-D---V---AY---L-V---RT---V---A-----	656
N---Q---R---K---E---V-AR-T-G---GSR---V---DL---S-V---SL---L-I---RET-S---D---I---Q-A---V---RN---E---TE-----	637
X---A---K-XE---0-NL---T---V-GNR---Y---V---V---L---KL-F---R-T---D---V---H---Y---E-L-QT---T---V-----	638
E---S---K-XE---0-NLA---T---GNRM---Y---V---X---V---L---EI-I---RET-D---V---I---AY---K---A---V-----	656
G---S---K-V---0-NLA---T---GN-V---Y---V---I---V---L---I-M---RET-D---V---AY---L-KV---RT---V---R---P-----	656
F---S---K-V---0-NLA---T---G-V---Y---V---I---V---L---I-M---RET-D---V---AY---L-KV-F---RV---V---R---P-----	656
F---S---K-V---0-NLA---T---G-V---Y---V---I---V---L---I-M---RET-D---V---AY---L-KV-F---RV---V---R---P-----	656
F---S---K-V---0-NLA---T---G-V---Y---V---I---V---L---I-M---RET-D---V---AY---L-KV-F---RV---V---R---P-----	656
E---T---R---E---0-NL---T---GN---V---V---L---K-I---RET---VLD---V---AY---E-L-RV---RN---V-----	638
A---R-EEN---L-N---T---G-RT---V-----V-----L---K-I-M---RET---VLD---V---AY---E-L-L---RA-Q---V---R---P-----	651
-----N-----N-----K-----	642
-----R-----K-----	642
-----S-----V---S-----	638
-----N-----K-----K---V-----R-----	638
MNE.US.x.MNE027-----N-----K-----K---V-----R-----	638
R---E---AF-R-EEN---0-N---S---T---GSRV---V---L---KI-F---RE---D---V---P---P---F---RV-I---V---RE---P---R-----	647
-----D---V-N---S---T---G---R---Y---V---L---*---I---REI---D---V---P---P---F---RV-I---V---N---R---A---K-----	634
R---N---R---R-DE---A---N-E---GE---Y---0---V---SL---K---F---REL---D---A---V-D---V---I---MA---P---E-L---V-F-V-R---RE---I---V---N---R---A---K-----	634
-----D---IV---GE-V---Y---V---SL---KT-F---M---RET---V---A---F---V---V---RN-I-S---A-----	638
-----M-N---E---V---V---V---V---A---F---V---V---R---V---V---RN-I-S---A-----	638
-----D---IM---GERV---Y---V---V---R---M---RET---V---E-Q-A---F-V---R---R---V---R---A-L-----	638
-----D---IM---GERV---Y---V---V---R---M---RET---V---E-Q-A---F-V---R---R---V---R---A-L-----	638
-----D---Q---V-N---G-T---R-----I---R---RE---A---V---F---V---R---V---R---V---R---I-----	638
R---N---D---IV---N---Y---V---V---L---K---M---REI---A---V---F---V---R---T-V---R---R---T-----	642
-----I---V-N---V---V---V---L---E---RET---D---V---E-Q-A---F-V---R---R---V---R---A-L-----	638
-----I---V-N---V---V---V---L---E---RET---D---V---E-Q-A---F-V---R---R---V---R---A-L-----	638
-----P---P---I---P---V---V---S---V---I---R---XEI---V---E-Q-A---F-V---R---R---V---R---A-L-----	638
-----Q---R-D---V-D---I---V---V---L---E---RET---A---V---E-L-T-F-V---R---N---A-L-----	638

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.Nwk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.S192B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F256_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

```

AEVIPQETGRQTALFLLLKLAGRWPIHLHTDNGANFASQEVKMWAVWAGIEHTFGVPYNPQSQGVVEAMHHLKNQIDRIREQANSVETIVLMAVHMCMFKRRGGIGDMTPAERLINMITTEQEIQFQSKNSKFKNFRVYREGRDQLWKGPGELLWKGEGAVILKVG 981
-----S-----S-----P-T-----V-0S-----S-----T-----L-R-N-K-Q-----V-A-----994
A.DE.x.BEN-----S-----P-T-----V-0S-----S-----T-----L-R-N-Q-----V-----994
A.DE.x.PET2 KR KRCC-----S-----P-T-----T-0S-----S-----TM-----LHA-L-----F-----D-----V-----994
A.FR.00.LA38-----S-----T-----V-0-----S-----SK-----T-V-T-----L-T-LQ-----F-----D-----V-----993
A.FR.01.LA42-----S-----T-----V-0-----S-----D-----T-V-----L-A-N-Q-----D-----V-----994
A.FR.02.LA36gomM-----S-----T-----V-0-----S-----A-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.FR.93.LA37-----S-----T-----V-0-----S-----A-----L-A-L-----F-----D-----V-----997
A.FR.96.LA40-----S-----T-----V-0S-----S-----TM-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.FR.98.LA39-----S-----H-----S-----T-----V-0S-----S-----D-----T-----T-----L-T-----F-----D-----V-----997
A.FR.98.LA41-----S-----S-----T-----V-0S-----S-----D-----T-----L-A-L-----F-----D-----V-----997
A.GH.x.GH-----S-----S-----T-----I-0-----S-----S-----T-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.GM.87.D194-----S-----P-T-----I-0S-----S-----TI-----L-R-N-K-Q-----D-----V-----994
A.GM.x.ISY SBL 6669 85-----S-----P-T-----V-0S-----S-----TM-----V-V-----L-A-L-----F-N-Q-----D-----V-----994
A.GM.x.MCN13-----S-----S-----T-----V-0S-----S-----T-----T-----LHA-L-----F-----D-----V-----994
A.GW.86.FG c1one NIHZ-----S-----T-----V-0-----S-----T-----I-----L-A-L-----F-----D-----V-----993
A.GW.87.CAM2CG-----S-----T-----V-0-----S-----T-----S-----L-A-L-----F-----D-----V-----993
A.GW.x.MDS-----S-----T-----I-0S-----S-----D-----T-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.IN.07.NNVA-----S-----T-----V-0S-----S-----T-----S-----A-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.IN.95.CR1K 147-----S-----T-----I-0S-----S-----S-----L-A-L-----F-----D-----V-----994
A.JP.08.NMC786 c1one 41-----S-----S-----T-----V-0S-----S-----T-----L-R-N-Q-----D-----V-----994
A.NL.01.RH2.13-----S-----T-----S-V-0S-----S-----S-----T-V-----A-----L-A-RL-----F-----D-----V-----994
A.NL.01.RH2.14-----S-----T-----S-V-0S-----S-----S-----T-V-----A-----L-A-RL-----F-----D-----V-----994
A.NL.01.RH2.3-----S-----T-----V-0-----S-----S-----T-----L-A-LQ-----F-----D-----V-----994
A.NL.01.RH2.7-----S-----T-----V-0-----S-----S-----T-----L-A-LQ-----F-----D-----V-----994
A.NL.02.RH2.5-----S-----T-----V-0S-----S-----S-----T-----L-A-RL-----F-----D-----V-----994
A.NL.03.RH2.21-----S-----T-----T-----0-----S-----M-S-V-----TM-----A-----L-LV-----F-----D-----V-----994
A.NL.03.RH2.24-----S-----T-----T-----0-----S-----M-S-V-----TM-----A-----L-LV-----F-----D-----V-----994
A.PT.x.ALI-----S-----S-V-----T-----V-0S-----S-----S-----S-----L-T-L-----P-----D-----V-----994
A.SN.85.ROD-----S-----S-----T-----I-0S-----S-----T-----I-----S-----L-A-LD-----F-----LV-----995
A.SN.86.ST_JSP4_27-----S-----S-----T-----I-0S-----S-----S-----V-A-----L-A-LQ-----F-----D-----V-----994
B.CI.88.UC1-----S-----T-----D-----A-----I-0-----S-----D-----V-I-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----LI-----995
B.CI.x.20.56-----S-----T-----D-----A-----V-0S-----S-----D-----V-I-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----LV-----995
B.CI.x.EH0-----S-----T-----D-----A-----I-0-----F-----S-----D-----V-I-----V-----T-----IV-----A-----F-A-L-Q-Q-----D-----I-----994
B.FR.00.LA44-----S-----T-----D-----V-0-----S-----D-----V-I-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-----995
B.FR.98.LA43-----S-----T-----D-----V-0-----S-----L-D-----V-I-----V-----T-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-----995
B.GH.86.D205 ALT-----S-----T-----PS-----A-----V-0-----S-----L-D-----V-I-----V-----T-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-----992
B.JP.01.IMCJ KR020_1-----S-----T-----D-----A-----I-----V-0-----S-----L-D-----V-I-----V-----A-----IV-----A-----F-A-L-Q-Q-----I-----995
F.US.08.Nwk08-----S-----IA-----L-----T-----Q-----K-----N-----V-----S-----Q-----K-----ET-----A-----IV-----S-----N-Q-KN-----AD-----I-----976
G.CI.92.Abt96-----S-----T-----V-0A-----S-----K-----K-----D-----I-----I-----T-----I-----AD-----I-----977
AB.CM.03.03CM 510 03-----X-----S-----S-----T-----D-----V-0-----S-----S-----L-D-----V-I-----V-----T-----V-----F-A-L-Q-Q-----X-----995
H2_01_AB.CI.90.7312A-----S-----T-----D-----V-0-----S-----D-----V-I-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-----995
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20-----S-----T-----D-----V-0S-----S-----D-----V-L-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----V-----995
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01-----S-----T-----D-----V-0S-----S-----D-----V-L-----V-----A-----V-----F-A-L-Q-Q-----V-----995
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10-----S-----T-----D-----V-0S-----S-----D-----V-L-----V-----A-----V-----YF-T-----L-Q-Q-----V-----995
U.CI.07.07IC_TNP3-----S-----T-----S-----T-----K-----V-0S-----S-----D-----M-----T-----I-----S-----L-----AD-----I-----977
U.FR.96.12034-----S-----T-----V-----E-----D-----TM-----A-----S-----T-----I-----S-----L-----AD-----LI-----990
MAC.US.x.251.1A11-----S-----V-----S-----T-----S-----T-----I-----S-----L-----AD-----LI-----981
MAC.US.x.251.32H PJ5-----S-----V-----S-----T-----S-----T-----I-----S-----L-----AD-----LI-----981
MAC.US.x.251.BK28-----S-----V-----S-----T-----S-----T-----I-----S-----L-----AD-----LI-----977
MAC.US.x.MM142.IVMXX-----S-----V-----S-----T-----S-----T-----I-----S-----L-----AD-----LI-----977
MNE.US.82.MNE.8-----S-----T-----M-----L-----V-----V-----977
MNE.US.x.MNE027-----S-----T-----M-----L-----V-----V-----977
SMM.CI.79.SIVsmCI2-----S-----T-----V-----0-----R-----S-----T-----K-----K-----I-----C-----IV-----S-----L-----T-----AN-----I-----986
SMM.LR.89.SIVsmLIB1-----S-----T-----V-----S-----N-----0-----R-----S-----T-----K-----K-----I-----C-----IV-----S-----L-----T-----AN-----I-----971
SMM.SL.92.SIVsmSL92A-----S-----T-----V-----S-----N-----0-----R-----S-----T-----K-----K-----I-----C-----IV-----S-----L-----T-----AN-----I-----976
SMM.SL.92.S192B-----R-----I-----S-----K-----L-----V-----0S-----DL-----KN-----K-----E-----L-----A-----IV-----L-----T-----YLN-----Q-----Q-----A-----VI-----973
SMM.US.04.G078-----S-----I-----S-----K-----L-----V-----0S-----DL-----KN-----K-----E-----L-----A-----IV-----L-----T-----YLN-----Q-----Q-----F-----A-----VI-----977
SMM.US.04.G932-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.04.M923-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.04.M940-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.04.M947-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.04.M950-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.05.D215-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.06.FTq-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----981
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.86.CFU212-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.x.F256_H4-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----976
SMM.US.x.H9-----X-----S-----I-----T-----Q-----X-----X-----T-----I-----I-----I-----I-----V-----V-----977
SMM.US.x.PBJ 6P6-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.x.PGM53-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
SMM.US.x.SME543-----S-----T-----I-----T-----Q-----T-----E-----I-----V-----F-----N-----977
STM.US.89.STM_37_16-----S-----V-----T-----Q-----T-----D-----T-----V-----K-----L-----V-----V-----977

```


MAC_US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.001006 CNA vif
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.08.012100 CNA vif
A.FR.08.013050 CNA vif
A.FR.08.045009 CNA vif
A.FR.08.052004 CNA vif
A.FR.10.008010 CNA vif
A.FR.10.009041 CNA vif
A.FR.10.012101 CNA vif
A.FR.10.036019 CNA vif
A.FR.11.018042 CNA vif
A.FR.11.031014 CNA vif
A.FR.11.038004 CNA vif
A.FR.11.048012 CNA vif
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85
A.KM.x.MCN130
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRT147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.93.JAU1
A.PT.x.AL1
A.SM.V.ROD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.045004 CNB vif
B.FR.00.LA44
B.FR.04.009011 CNB vif
B.FR.07.031016 CNB vif
B.FR.10.013048 CNB vif
B.FR.10.016002 CNB vif
B.FR.10.026008 CNB vif
B.FR.10.519012 CNB vif
B.FR.11.009042 CNB vif
B.FR.11.013039 CNB vif
B.FR.11.013040 CNB vif
B.FR.11.018038 CNB vif
B.FR.11.018042 CNB vif
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC_US.x.251 IA11
MAC_US.x.251 32H PJ5
MAC_US.x.251 BK28
MAC_US.x.MM142_IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G032
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT9
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

Vif start

Table of amino acid sequences for HIV-2/SIV proteins, including Vif start and various protein variants like MEEKKRWIAVPTWPIPER, LERWHSLIKYLKYYTKDQKLVQVPHFKVGMAMWTCRSVIFPLQEGSHLEVQGWHLTPKGLWSTYAVRITWYSKNFWDTVPNYADILLHSTYFPCCFAGEVRRRAIRGEQLLSCCRFPRAHKYQVPSLYLQALKVV, etc.

	Vpr start	Vpr end
MAC.US.x.239	MEER...PPENEGPQREPWDEWVVELEELKEEAKLHFDPRLLTALGNHIYNRHGDTELEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGOPGGGNPLSAIPPSRML...	101
A.CI.88.UC2	-M.GA.....#MIV*IT---*R-----I-D-Y-----N-----R-K-----S-L-V-GSR---*TRRRRT-CP-T-TP-G-H.....	83
A.DE.x.BEN	-T-APTEF-DGT-R-DLGS-D-I-T-R-I---R-----I-YY-H-----R-KT-----V-A-NR---*TRRRRT-CP-A-TP-A-H.....	105
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-T-APAEF-D-T-P-G-G-IGI-R-R-----T-Y-CA-----S-R-NV---V-A-KI---TR-ET-F-----TP-G-Q.....	106
A.FR.00.LA38	-T-APTEL-DRT-P-G-A-I-I-R-I-K---R-S---RY-T-----R-V---A-A-G---TR-----TP-N-Q.....	106
A.FR.01.LA42	-T-APTEF-GT-P-GN---I-I-R-I-----I-YY-LT---I-----R-V---A-S---SR-----P-----T-N-Q.....	106
A.FR.02.LA36GomM	-T-APAEI-GT-P-G-IGI-R-IQ---V-R-I-KY-T-Y---R-V---T-A-G---TM-----TP-G-Q.....	106
A.FR.93.LA37	-T-APTES-GT-P-G-I-I-R-I---R-Y-S-Y---R-V---A-G---TR-R-----TP-G-Q.....	106
A.FR.96.LA40	-T-APTEF-DNT-P-G-I-I-R-I---R-IT-Y-I-Y---R-VKV-V-S-A-GR---LR-R-A---TP-G-H.....	106
A.FR.98.LA39	-T-APTEF-DGT-P-G-I-I-G-I---R-I-RY-A-Y---R-VGV-T-A-G---TR-R-----TP-G-P.....	106
A.FR.98.LA41	-T-APTEF-D-T-P-G-I-I-R-I---R-I-RY-T-Y---R-V---T-A-G---TR-R-----TP-G-R.....	106
A.GM.x.GH1	-T-APTEF-DGT-R-LGGD-IRI-G-I---R-I-YS-----P-----R-V---V-L-A-NR-S-TRRRRT-FP-A-TP-G-Y.....	106
A.GM.87.D194	-T-APTEF-DGT-R-LGST-I-T-K-I---C-I-Y-----R-V---V-I-A-DR-K-TRRRRA-CP-A-TP-G-H.....	106
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-T-APAEF-DGT-P-G-I-I-R-I---R-YY-T-----R-V---T-A-G---R-R-----TP-N-Q.....	106
A.GM.x.MCN13	-T-APTEF-DGT-P-G-I-I-RKTK---R-YHT-----R-NV---A-RL---T-RT-FP-TSTP-T-Q.....	106
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-T-APTEL-DRT-P-G-A-I-I-R-IE---R-RY-T-----R-V---A-A-G---TR-----TP-G-H.....	106
A.GW.87.CAM2CG	-T-APTEF-D-T-P-G-I-I-R-I---R-YY-LT---I-----R-V---A-S---TR-----TP-R.....	106
A.GW.x.MDS	-T-APTEL-DGT-P-G-I-I-R-IT---RS---R-T---R-R---T-A-G---TR-----TP-Q.....	106
A.IN.07.NNVA	-T-APTEL-DRT-P-G-I-I-R-I---R-RY-T-Y-P---R-V---T-A-G---R-----TP-R.....	106
A.IN.95.CR1K 147	-T-APTEL-DGT-P-G-I-I-R-I---R-RY-D-Y---R-V---T-A-G---R-----TP-R.....	106
A.JP.88.NMC786 c1one 41	-T-APTEF-DGT-LGGD-IIRI-IR---G-P-I-Y-A---RK-VD---V-L-KA-SRPKVN-TR-TS-PVA-TP-N-Q.....	106
A.NL.01.RH2_13	-T-APTES-GT-P-G-A-I-L-RD---R-LT-YY-LT---I-----R-V---I-A-GR---TR-R-FP-T-TP-G-OEHMLL.....	111
A.NL.01.RH2_14	-T-APAEI-DRT-P-G-A-I-RDIE---R-RY-T-Y---R-V---A-A-G---TR-----TP-G-H.....	105
A.NL.01.RH2_3	-T-APTES-K-GT-P-G-I-L-RD---R-L-SY-T---K-T-Q-S-A-GR---TR-R-FP-TP-G-OEHMLL.....	110
A.NL.01.RH2_7	-T-APTES-GT-P-G-I-L-RD---R-LT-YY-LT---I-----R-V---A-GR---TR-R-FP-T-TP-G-OEHMLL.....	111
A.NL.02.RH2_5	-T-APTEL-DGT-P-G-I-R-IQ---I-S-I-KY-T---R-V---T-A-GR---TR-R-FP-T-TP-G-OEHMLL.....	111
A.NL.03.RH2_21	-T-APAEF-DGT-P-GTG-Q-I-R---S-I-Y-S---R-SV-V-Y-A-G---TR-R-----TP-N-H.....	106
A.NL.03.RH2_24	-T-APAEF-DGT-P-GTG-Q-I-R---S-I-Y-S---R-NV---A-D---TR-----TP-N-H.....	106
A.PT.x.ALI	-T-APTEF-AGM-HOGAR-I-R-I---R-M-I-GY-T---R-R-NA---A-GR-V-TR-R-----TP-N-Q.....	106
A.SN.85.ROD	-A-APTEL-VDGT-L-G-I-I-R-I---R-I-KY-T---R-KV---T-A-G---TR-----TP-N-Q.....	106
A.SN.86.ST JSP4_27	-T-APTES-DRT-P-G-I-T-R-I*---R-IT-Y-A---RG-LL-A-GR---R-R-----TP-G-R.....	105
A.SN.x.A640	-A-APTEF-DGT-P-G-IQI-RIG---R-KY-A---R-LL-A-GR---TR-D---TP-D-Y.....	106
A.US.93.7924A	-T-APTEL-GT-P-G-I-R-IQ---V-R-N-RV-T---R---T-A-G---TR-----TP-G-Q.....	105
B.CI.88.UC1	-A-AAPET-S-D-E-F-ED-M-I-Q-R---F-S-A-K---L-A-Q-----R.....	105
B.CI.x.20_56	-A-AAPET-D-E-F-ED-I-Q-R---F-S-A-K---L-A-Q-----*G-Q.....	105
B.CI.x.EHO	-A-AAPEI-DKN-EQ-D-I-Q-R---F-N-KL---L-Q-----*G-Q.....	105
B.FR.00.LA44	-A-AAPET-G-D-E-F-ED-I-Q-R---F-S-A-K---L-Y-Q-----*VR.....	105
B.FR.98.LA43	-A-AAPEI-S-E-F-ED-I-Q-R---F-S-Y-A-K---L-A-Q---SR-R-T---P*G-R.....	105
B.GH.86.D205 ALT	-A-AAPEI-N-E-F-ED-I-Q-R---F-S-A-K---L-A-Q---S---T---P*G-R.....	105
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-T-APAEI-D-E-F-ED-I-Q-R---F-S-A-K---L-Q-----*QK.....	105
F.US.88.NWK08	-AA.....QE-A-E-I-DI-Q---H-Y-D-Y---K---L-A-RL-G-R-P-----G.....	101
G.CI.92.Abt96	-A-EI-D-A-E-I-I-Q-R---Y-D---K---L-D-RC-GNA-T---GVF.....	103
AB.CM.03.03CM_510_03	-A-AXXEI-S-Q-E-RXG-I-I-Q---X-F-S-Y-A-VK---L-A-R---X-P*G-Q.....	105
H2_01_AB.CI.90.7312A	-A-AASET-D-E-F-ED-I-Q-R---F-S-A-K---L-Q-----T-EG-Q.....	106
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-A-AAPET-D-N-G-m-m-EDI-Q-R---F-S-A-K---L-Q-----PGG.....	105
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-A-AAPET-D-N-G-m-m-EDI-Q-R---F-S-A-K---L-Q-----PGG.....	105
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-A-AAPEI-D-S-GS-E-EDI-Q-R---F-S-Y-A-K---L-Q-----PGG.....	105
U.CI.07.07IC TNP3	-A.....DGA---G-R-I---VR-S-Y-D-Y---K-V---A-GOR-A-V-NV.....	102
U.FR.96.12034	-A-I.....DGA---G-R-I---VR-S-Y-D-Y---K-I-L-R-SSR-TTV---GV.....	101
MAC.US.x.251_1A11	*-G-----G-----R-----R-----T-----GV.....	101
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----N-----R-----T-----GV.....	102
MAC.US.x.251_BK28	-----N-----R-----T-----GV.....	101
MAC.US.x.HM142_IVMXX	-----K-----I-S-S-----T-----GV.....	102
MNE.US.02.MNE_8	-----D-----Y-D-----K-----S-----T-----R.....	102
MNE.US.x.MNE027	-----D-----Y-D-----K-----N-----S-----T-----R.....	102
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-H.....D-P-A-D-I---Y-D---K-I-A-L-HS---TV---GV.....	102
SMM.LI.89.SIVsmLIB1	-A.....D-P-A-D-I---Y-D-Y---N---Y-D-Y---K---I-A-L-HS---R-AT---GV.....	102
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-SLS-P-D-A-T-I-T---Y-D-Y---K---L-TN-CRR---AT---NV.....	103
SMM.SL.92.SL92B	-H.....A-D-TNP-IRD---YV-DTY-I-I-K-K-L-H-T---R-P-GS-SA-DV.....	101
SMM.US.04.G078	-A.....D-T-I-Q---Y-D---K---N-V-S---AT---EV.....	102
SMM.US.04.G932	-T.....D-A-I-N-H---Y-D-Y---K---T-V-S---T---RV.....	102
SMM.US.04.M923	-A.....D-A-I-N-H---Y-D-Y---K---T-V-S---T---RV.....	102
SMM.US.04.M940	-A.....D-S-T-I-Q-N---Y-D---K---N-L-AR---AT---EV.....	102
SMM.US.04.M947	-A.....D-A-V-I-S---Y-D-Y---K---I-S---S---T---GV.....	102
SMM.US.04.M950	-T.....D-A-I-S---Y-D-Y---K---T-S---T---GV.....	102
SMM.US.05.D215	-AGV.....D-G-I-N---Y-D---K---L-Q---TNR---AT---GV.....	102
SMM.US.06.FTQ	-D.....D-A-T---Y-D---K---L-Q---TNR---TV-T-NV.....	102
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A.....D-A-T---Y-D---K---I-S-A-SR---T-D.....	102
SMM.US.86.CFU212	-A.....D-A-M-KR-L---Y-D---K---I-S-A-H-R---AT-T-DV.....	102
SMM.US.x.F236_H4	-A.....D-A-T---Y-D---K---I-S-A-SR---V.....	90
SMM.US.x.H9	-T.....D-A-X-NX-I---Y-D---G-I-R-S-X---T---X-GV.....	102
SMM.US.x.PBJ_6P6	-T.....D-A-T-N---Y-D---K---I-R-S---T---GV.....	102
SMM.US.x.PGMS3	-D.....D-A-K-I---Y-D---K---I-S-A-SR---T---GV.....	102
SMM.US.x.SME543	-A.....D-A-K-I---Y-D---K---I-S-A-SR---T---A.....	102
STM.US.89.STM_37_16	-TH.....D-I-Q-R---S-Y-D---K---R---AT-T-GV.....	102

MAC.US.x.239	MSNH.EREEELRKRLRLHLHQTNPYPYTGPGTANQRORRRKRWRRRRQWLLALADRIYSFPDPTDPLDLAIQQLNLAIESIPDPPTNTPEALCDPTEDSRSPD.....	107
A.CI.88.UC2	-CEK.AD---QRE---R---YR---G---N-R-R-Q-LR---KLHTA---A-SS-W---H-G-T-REL---DL-S...DSNOGLAET	103
A.DE.x.BEN	-ER.AD-G-QGK-LR---Q---S-N-R-R-Q-LR-V---NKLCVA---S-R-H-R-T-QEL---DL-S...NSNOGLAET	103
A.DE.x.PET2 KR KRCCG	-NGR.AD-G-QRQK-R---Q-L-R-N-R-R-KQOH-R-V-NS-T---A-S-R-R-G-T-QEL---L-SSSTNNNOGLAETVNSLPATVWRVDRPSAPGPKDYERDSCERVELVGGNGTDROGNTCSSKKDQAGGRTCPVP	169
A.FR.00.LA38	-TER.AD-G-RK-K---E-Y-S-S-N-R-K-QI-V-NS-LAL-A-S---Q-H-G-T-QEL---L-SPENTDS-Q-LAEA	96
A.FR.01.LA42	-TER.AD-GV-RK---H-Y-S-S-N-R-Q-I-V-NS-LAL-A-S---RT-H-G-S-ODL---L-SPENTDS-Q-LAEA	107
A.FR.02.LA36gomM	-TER.AD-G-LRK-R---Q---S-N-R-Q-R-I---S-T---S-QT---G-T-ODL---HP-S...Q-LVET	100
A.FR.93.LA37	-EA--D-GLR-RLRLRLHQTNPYPKELGTAROR-NR-WQO-WR-LVALADRIYTFPP-ANSPDLRAIQHLOGLTJQDLPDP-TNPPESSESDSN-Q-LAET	106
A.FR.96.LA40	-TER.PD---HLRK---Q-R-S-N-R-R-V-SLHT---A-S-RT-H-G-T-ODP---P-GTSESTDNNOGLAKT	107
A.FR.98.LA39	-TER.AD-G-OR-I---Y---Q---S-N-R-Q-R-I---FT---A-S-OTVRH---E-T-ODL---L-PSESTDNSO-LAKT	107
A.FR.98.LA41	-HER.ADG---G-OR-K---Q---S-N-R-Q-Q-R-I---S-T---A-S-R-D-R-T-ODL---DL-S...NSNOGLAET	96
A.GM.x.GH	-RDR.AD-G-QEK-R---I---H-Q-S-N-R-R-Q-FR-V---TKLHTI---S-R---G-T-QEL---DL-S...NSNOGLAET	103
A.GM.87.D194	-RDR.AD-G-QEK-R---I---H-Q-S-N-R-R-Q-FR-V---TKLHTI---S-R---G-T-QEL---DL-S...NSNOGLAET	103
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-TER.AD-GV-RK-R---Q-L-R-N-R-E-K-I---T---A-P-OT---G-T-OTL---S...Q-LAETQGLPAVWVRVDRPSVPGPREGYKRDYSYERGEELVGGSGTNRKGDTRSTKDQAGSRNCPVP	158
A.GM.x.MCN13	-TGR.AD---RK---Q-L-S-N-R-KO-R-V-K-T---A-S-GRT-H-E-T-ODL---SF-SSSEGTDSNO-LAKN	107
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-TER.AD-G-OR-K---R---Q---S-N-R-KO-R-I---S-T---A-S-R-H-G-T-ODL---L-SPSTNSNO-LAEA	107
A.GW.87.CAM2CG	-HER.ADG---GE-R---Q---S-N-R-Q-Q-R-I---S-T---A-S-R-D-R-T-ODL---HP-S...Q-LAEA	100
A.GW.x.MDS	-NER.AD-G-OR-K---R---Q---R-N-R-Q-R-I---S-T---A-S-OTV---G-T-ODL---HL-S...Q-PAAT	100
A.IN.07.NNVA	-TER.AG-GPERK-R---Q---R-N-R-Q-I-I---S-T---A-S-V-OT---G-T-QEL---HP-S...Q-LAEA	100
A.IN.95.CR1K 147	-NER.AD-G-OR-K---R---Q---S-N-R-Q-L-I-T---S-T---ANS-V-OT---G-T-QEL---HP-S...Q-LAET	100
A.JP.08.NMC786 clone 41	-TER.ADG---LTK---Q-L-R-N-R-Q-R-V-K-T---A-S-Q-RD---E-T-ODL---D...Q-LAET	96
A.NL.01.RH2.13	-TER.AD-G-RD---L---H-S-N-R-Q-R-V-K-T---AESR-R-H-G-T-ODL---SSF-SPEGTDSNO-LVET	107
A.NL.01.RH2.14	-TER.D-G-OR-K---R---Q---A-S-N-R-KO-R-I---S-T---ANS-OTV---G-T-QEL---HP-P...Q-LAKT	100
A.NL.01.RH2.3	-TGR.AD-G-RK---S-H-PS-N-R-Q-R-V-NK-I-S---S-R-H-G-T-ODL---SSL-SPEGTDSNO-LAET	107
A.NL.01.RH2.7	-TER.AD-G-RN---L---S-H-PS-N-R-Q-R-V-NK-T---A-SS-R-H-G-T-ODL---SSL-SPEGTDSNO-LAET	107
A.NL.02.RH2.5	-TER.AD-G-RN---L---Q-L-R-N-R-Q-K-V-S-T---A-S-OT-H-E-T-ODL---HR-S...Q-RTEN	100
A.NL.03.RH2.21	-NER.AD-G-OR-K---R---Q---S-N-R-Q-K-V-N-FT---A-P-RN---E-T-ODL---...NOELAET	96
A.NL.03.RH2.24	-NER.AD-G-OR-K---R---Q---S-N-R-Q-K-V-N-FT---A-P-RN---E-T-ODL---...NOELAET	96
A.PT.x.ALI	-TER.AG-D-OR-K---R---Q---S-N-R-Q-G-IV---FT---ASS-R-V-H-G-T-ODL---DL-SSSADNNOGLAET	107
A.SN.85.ROD	-NER.AD-G-OR-K---R---Q---S-N-R-KO-R-I---S-T---A-S-OT-H-G-T-ODL---HL-S...Q-LAET	100
A.SN.86.ST_JSP4_27	-NER.AE---RK---R---Q---S-N-R-KO-R-V-K-T---A-S-EQT-H-G-T-ODL---L-SSSIDSSO-LAET	107
B.CI.88.UC1	-TTR...KD-Q-G-L---QT-S-N-R-K-GL-I---R-LS-S-EE-V-R-E-TV-DL-N-S-T...QAFTICP-VWDQLVPRSNPSSNEGGERDSCERKSPMESQKDSGSHRDPQEDOTRT	150
B.CI.x.20.56	-TTR...KD-Q-G-L---QA-S-N-R-K-GL-I---R-LS-S-EE-V-R-E-TV-DL-N-S-TT...QAFACTP-VWDQLAPRSPSSNEGGERDSCERKSPMESQKDSGSHRDPQEDOTRT	150
B.CI.x.EH0	-NAR...RD-Q-G-L---QT-S-N-R-K-GL-I---HPL-S-EG-R-T-KDL-N-S-T...QAFTICP-VWDQLVPRSNPSSGGGRDSCERGEDLVGSPQESGRDHCNTQEDOTRG	150
B.FR.00.LA44	-AR...RD-Q-G-L-Q---QT-S-N-R-K-GL-I---R-LS-S-EG-R-E-TV-DL-N-S-T...QAFTICP-VWDQLVPRSPSSNEGGERDSCERKSPMESQKDSGSHRDPQEDOTRG	150
B.FR.98.LA43	-AR...KD-QEG-L---Q-E-S-N-R-K-GL-I---N-HP-SAT-AGE-E---TV-DL-N-S-T...QAFTICP-VWDQLVPRSNPSSNEGGERDSCERGGGLMGSQKDSGSHRDPQEDOTRT	150
B.GM.86.D205 ALT	-TAR...GD-Q-E-L---Q-S-N-R-K-GL-I---H-STA-AEE-N-R---TV-DL-N-P-LNOSPPTTQAPGCV-VWDQLVPRSPSGKGYGRNSCECRDLMGSSQESGSHRDPQEDOTRT	153
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-TTR...KD-Q-G-LR---Q-S-N-R-K-GL-I---Q-HPL-S-EE-N---K-TV-DL-T-SI-T...Q-STCIP-IWDRLVPRSNPSSDEGGERDSCYKRRKGMGSSQKDSGSHRDPQEDOTRT	164
F.US.08.NMK08	-DL.E---R-I-F---RR-R-K-I---VH-V-S-V---R-N-QEL---PAD-VDPQENQCS-N-N	104
G.CI.92.Abt96	-L.E---F---Q---N-R-K-KO-L-I---VH-X-ARE---S-T-QDX-S-AV-KN...QDP-SN	100
AB.CM.03.03CM 510 03	-TTR...R...E-L-H---N-R-K-GL-I---R-SAA-AEE-N-R---TV-DL-N-TT...QAPVICP-VWDRLVPRSPSSSEGYERDSCCEGRDLMGSSQGGESDPRDPKQNOTRT	148
H2 01 AB.CI.90.7312A	-TAR...KD-Q-GI-L---Q-S-N-R-K-GL-I---HPL-NS-AEE---RR---TV-DL-N-SS-TT...QAPVCVP-IWDRLVPRSPSSGGYGRDSCHEREDLMGSSQEDGEGNHRSPKQNOTGA	150
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-NAR...KD-Q-L---Q-S-S-N-R-K-GL-I---HPL-NS-AEE---VRR---DL-N-SS-TT...QAPARTP-VWDQLAPRSPSRREGGRDSCYERQDDHMGSSQEDGEGNHRNPQKNOTRT	150
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-NAR...KD-Q-L---Q-S-S-N-R-K-GL-I---VHPL-NS-AEE---RR---DL-N-SS-TT...QAPARTP-VWDQLAPRSPSRREGGRDSCERQDDLMGSSQKDSGSHRNPQKNOTRT	150
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-TAR...KD-Q-G-L---RA-N-R-K-GL-I---VHPL-NS-AEE---RR---DL-N-S-TT...QAPARTP-IWDLAPRSPSRCEGGRDSCYERQDDHMGSSQKDSGSHRNPQKNOTRT	150
U.CI.07.07IC TNP3	-N-P---V-R---F---R---N-R-Q-L-I---N-S-A-S---F-S-AEL-E-SGL-S...TDSNO-TSEA	102
U.FR.96.12034	-P---GVQR---R---N-R-Q-L-I---K-T---S-V---G-QDL-E-AVV-H...Q-TSAP	98
MAC.US.x.251.1A11	-S---R---K	107
MAC.US.x.251.32H PJ5	-S---R---G-N	107
MAC.US.x.251.BK28	-S---R---KG	107
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-RS-TG---R---S-S-KR-Q---I---N-A	107
MNE.US.82.MNE 8	-S-AE---R---S-N-R-Q---F---V---N-V---I-I-H-NP	107
MNE.US.x.MNE027	-S-AE---R---Q-S-N-R-Q---F---V---N-V---I-I-H-SP	107
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-DO.EG---R---F---Q-T---N-R-Q-L-I---N-ANSS-V---G-S-DL-E-R-L-TS-SSSO-QD...A	103
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-HE...DR-OR---R---Q---N-R-Q-L-I---N-A-SF-V-V---S-QDL-E-ATV-T-RSN-TSQ-N	102
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-ORGOE---R---F---Q---N-R-KO-Y-I---N-A-SF---S-T-DL-E-I-T-KPKKO-P	103
SMM.SL.92.SL92B	-Q-P...R---I---A-S-N-R-K-I-IV---N-A-DI---FDS-S-Q-L-E-TV-T-R-OSA	99
SMM.US.04.G078	-LO.GE---R---KE-H-R-R-Q-L-I---VSS-V-S---DL-E-V-T-R-S-NP-VH-A	107
SMM.US.04.G932	-SN...G-R---F-C-Q---R-R-Q-I---A-SAF---R-SV-QSAA-NP-DH-N	107
SMM.US.04.M923	-SN...R---F-C-Q-T---R-R-KO-I---VN---G-EL-N-AS-P-K-AA-SP	107
SMM.US.04.M940	-LO.GEG---R---F---KE-H-R-R-Q-L-I---T-A-S-V-S---DL-E-AGV-T-R-SADNO-H-A	100
SMM.US.04.M947	-SN...D-R---F---S-E---R-R-Q-I---N-A-S-V-R-EL---SA-P-K-T-SP	100
SMM.US.04.M950	-HI.AG---R---F-N-Q-T---R-R-Q-I---H-N-A-S---D-SL-N-ASV-T-R-T-SP-H	107
SMM.US.05.D215	-ROO-E---R---F-A-QA---R-N-Q-L-I---VS-LST-VA---S-TDL-ASV-D-RSSPDP-DH	107
SMM.US.06.FTQ	-P.G---R---F-L-Q-T---N-R-Q-L-I---A-S-I-VR---QL-E-ASA-GD-QSVA-SP-H-T	106
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-ST...R---F---Q---R-R-Q-I---VHS-V---G-DL-E-SA-T-QCAASIKGDH-N	100
SMM.US.86.CFU212	-ST...R---F---Q---R-R-Q-I---VHS-V---G-DL-E-SA-T-QCAASIKGDH-N	105
SMM.US.x.F258_H4	-SN...R---F---Q---R-R-Q-I---V---G-EL---SA-P-N-VAKSP	100
SMM.US.x.H9	-SN...R---F-XX---R-R-Q-I---V---G-XL-N-ASA-P-K-AA-SP	100
SMM.US.x.PBJ 6P6	-SN...R---F---D---R-R-Q-I---V---G-EL-N-ASA-P-K-AA-SP	100
SMM.US.x.PGM53	-SS.AG---R---F---Q---R-R-Q-I---A-S-V---D-SL-N-SV---NP-R	104
SMM.US.x.SME543	-ST...R---F---Q---R-R-Q-I---N---G-DL---SA-T-K-AAKS	100
STM.US.89.STM_37_16	-DQ...---QF---Q---N-R-Q-N-N---AS-V---G-S-QDL---P-L-KD-Q-TA-N	99

107
104
104
180
97
108
101
107
108
108
97
104
104
169
108
108
101
101
101
97
101
108
108
108
101
97
108
101
108
151
151
151
151
151
154
172
105
101
149
151
151
151
151
103
99
108
108
108
108
108
104
103
104
100
108
108
101
108
101
101
101
105
101
100

Rev end
*
MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC RSGGINRETL-
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85 RDRDISKETL-
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG cLone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 cLone 41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1 KEGENRV....
F.US.08.Nwk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2_01 AB.CI.90.7312A
H2_01 AB.JP.04.NMC307 20
H2_01 AB.JP.07.NMC716_01
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

signal peptide_end_gp120_start

Env_start

VI

MAC.US.x.239	MGCLGNQLLIAILLSSVGYGTYCT...LYVTVFYGVPAWRNATIPLFCAIKNRDWTGTCQLPDNGDYSEVALNVTESFDWA.NNVTEQAIEDVWOLFSEIKSPVKVLSPLCITMRCKNKSEDRWLKTSITTTASTT...STTASAKVDMVNETSSC	151
A.CI.88.UC2	-EPGR--AV--T-ACL-K...0...V-S...I-D-Q-IP-A-D...R...T-VA-N-PVTGNNTNA-APK-AARP...	148
A.DE.x.BEN	-EPGR--FVV--T-ACL-V...0...I-K-S...I-D-Q-II-A-V...H...T-VA-N-SRVOGNTTTPNRPSSSTTS...	149
A.DE.x.PE12 KR KRCCG	..DSR--IV--T-ACL-A...0...I-K-S...R...I-D-Q-IP-A-V...N-V...T-VA-E-STS-ESSNS-SEGS...	139
A.FR.01.LA38	..MSGR--T--A-ACL-V...0...I-S...I-D-Q-I-A-D...V...T-VA-N-TRNV-TGNIT-TRARSPVTNG...	149
A.FR.01.LA42	..MSGR--VT--T-CL-V-KSKKPP...I...I-SV...I-D-Q-I-A-D...I-V...Q...T-VA-S-TNITL-...D-TT...	127
A.FR.02.LA36GomM	..GKT--VT--IT-ACL-K.KO...I...I-ST...I-D-Q-I-A-D...I-V...N...T-VA-K-TRSNITIA-PIASS-TT...	147
A.FR.93.LA37	..YGRTKI-V--A-ACL-K-D...I...I-S...I-D-Q-I-A-E...I-D-S...T-VA-E-DMNK-AKTTTPITSAP...	139
A.FR.96.LA40	..GK-L--S-A-L-R-E...I...K-S...I-D-Q-I-A...D...N...T-VA-N-TVAP-STNST-TITPM...	144
A.FR.98.LA39	..GGKT--V-F-A-ACL...0...I...K-S...I-D-Q-I-A-D...D...S...T-VA-T-HNLAGNVNTATTPK-T...	144
A.FR.98.LA41	..MSGR--V-F-A-ACL...0...I...K-S...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-M-NTG-NGT-T-TPAS-AST...	144
A.GM.x.GH3	..GKSL-CV-S--A-LV...0...I...V...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-S-STNNMTGSITG...	136
A.GM.87.D194	..EPGR--V--T-ACL-K...0...I...V...I-D-Q-IT-A-D...D...V...R...T-VA-N-ITSGTATPSPN...	137
A.GM.90.CBL24	..GR--VTT-A-ACL-S...K...I...V...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-K-NTA-TOR-S-TTS--T-GAM...	144
A.GM.x.CBL21	..SR-L-V-S-A-ICL...0...I...V...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-V-TTMKNISTTARPTTGISMT...	141
A.GM.x.CBL22	..SG-KI--V--T-ACL-V...0...I...V-K...I-D-Q-IT-A-D...D...I...V...N...T-VA-N-T-TRNMTTQAQSTT-AKAVV...	140
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	..GKRT--V-F-T-ACL-K...0...I...V-K...I-D-Q-IP-A-D...D...I...V...N...T-VA-N-SST-TEAVAT-SPSG...	137
A.GM.x.MCN13	..MGGR--V--T-ACL-N...I...I-V...I-D-Q-IT-A-A-D...D...N...T-VA-I-NTDARNITTPITASPT...	144
A.GW.06.CA65316_9	..MGK--T-A-L-H...K...I...V...I-D-Q-I-A-D...D...N...T-VA-T-SSTSARSTIPTITTI-RTSNTNT...	154
A.GW.06.CA65319_7	..GKS--VTL-A-ACL...0...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...N...T-VA-N-SDTS-STIIN-NTTIDNTT...	141
A.GW.06.CA65330_5	..GGR--VT--A-L-A...0...I...V-K...I-D-Q-IT-A-D...D...H-IS...A-D...I...N-D-L...T-VA-N-SN-TGTGNT-SGAR...	143
A.GW.06.CA65409_14	..KESK--V-A-A-L-H-K...OF...I...I...I-D-Q-IT-A-D...D...I...V...N...T-VA-N-TRNM-TWT-R-DTON...	147
A.GW.86.Fclone_NIHZ	..KESK--V-A-A-L-H-K...OF...I...I...I-D-Q-IT-A-D...D...I...V...N...T-VA-N-TRNM-TWT-R-DTON...	143
A.GW.87.CAM2CG	..ERGR--V--T-ACL-R...0...I...K-S...I-D-Q-IP-A-D...D...I...V...N...T-VA-K-I-TS-TMIRITTPS...	143
A.GW.x.CA7205_8	..GSKA--A-T-A-L...0...I...K-S...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-S-TNTS-GSTTTLPLT...	135
A.GW.x.CA7253	..TSEKT--A-TCLL-K...0...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-N-TWVTSTANTIT...	139
A.GW.x.CAM1	..AYKR--T-ACL-K...0...I...R...I-D-Q-IP-A-D...D...N...T-VA-K-DGNT-STGNT-T-TRAR...	144
A.GW.x.CAM3	..TRK--T-ACL-K...0...I...I...I-D-Q-IS-A-D...D...N...T-VA-S-NTGSSNTATE...	132
A.GW.x.CAM4	..A-GKS--T-ACL-A...0...I...I...I-D-Q-IP-A-D...D...I...V...N...T-VA-K-KRMTGNTTA...	143
A.GW.x.CAM5	..T-GR--T-A-LVH-K...0...I...V...I-D-Q-I-A-N...D-V...N...T-VA-E-K-LGNATTLSN-T...	143
A.GW.x.CAM6	..RKR--I-T-ACL-K...0...I...I...I-D-Q-IP-A-D...D...V...S...T-VA-N-SR-RPSNSTGNVTT-IPS...	150
A.GW.x.HDS	..TRKMH--T-ACL-K...0...I...P...I-D-Q-IP-A-D...D...V...S...T-VA-N-SRLSDASTRNTTNA-A-TI...	156
A.IN.07.NWVA	..TREA--V-T-ACL-K...0...I...K...I-D-Q-IT-A-D...D...V...N...T-VA-E-KNR-GNAT-APT-PE...	146
A.IN.95.CR1K_147	..AHE-T--F-T-ACL-K...0...I...K-S...I-D-Q-IV-A-A-D...D...N...T-VA--T-T-TITAPT-TSAGST...	145
A.JP.08.NMC786 clone_41	..GKIL-IV-S-A-ACL-V-K...0...I...V...I-D-Q-I-A-A-D...D...S...T-VA-S-RTSNPTTAPGKTS...	146
A.NL.01.RH2_13	..DGR--T-F-A-ACL-GI...0...I...K-S...I-D-Q-I-A-D...D...V...T-VA-K-RTTGAANNITGASN...	144
A.NL.01.RH2_14	..MDGR--FF--A-L...0...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...V...N...T-VA-V-S-LSNNTAANTAAPANATT-SAN...	151
A.NL.01.RH2_3	..GGR--AT--A-ACL-G...K...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...V...N...T-VA-O-ATGAADRAT-N...	144
A.NL.01.RH2_7	..GGGR--VT-F-A-ACL-G...K...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...V...H...T-VA-K-SNMAGAANNITGELN...	140
A.NL.02.RH2_5	..MGGR--VT-F-A-ACL-V-GI...K...D...I...I-D-Q-IP-A-D...D...N...T-VA-T-STRSNTST-TTQS-T...	144
A.NL.03.RH2_21	..DGR--T-T-ACL-V...0...I...I...I-D-Q-IV-A...D...N...T-VA-N-SEIGNITTSIDONTM...	143
A.NL.03.RH2_24	..DGR--T-T-ACL-H-V...0...I...I...I-D-Q-I-A...D...V...N...T-VA-N-SDIG-GDITTP-T-S-P...	138
A.PT.00.09PTHCC20_1	..GDR--V--A-ACL-H-K...E...A...M...K...I-D-Q-IP-S-A-G-DS...N...T-VA-T...	142
A.PT.03.AB6	..AHKM--T-ACL-K...0...I...K...I-D-Q-IT-A-D...D...V...N...T-VA-K-TRNF-ASRNIS-ATRN-TPS-P...	120
A.PT.03.P1_6	..TRER--P-V-T-ACL-LV-Q...0...I...K-S...I-D-Q-IP-A-D...D...I...V...N...T-VA-N-SVKNSNTNSNTTVAN...	140
A.PT.03.P2_7	..ASGR--VT--T-ACL-T-VA-KKK...I...K-S...I-D-Q-IP-A-D...D...I...V...S...T-VA-K-K-L-NITTS-TTPS-P...	147
A.PT.03.P3_12	..A.GRS--V-T-A-ACL-H-I...0...I...K...I-D-Q-IP-A-D...D...K-D...N...T-VA-V-K-STYNSISTVRRIT-PKS...	143
A.PT.03.P4_11	..MGGR--V-T-A-L-E...0...I...I...I-D-Q-IT-A-D...D...V...S...T-VA-R-E-SMIDTSTNSGGGS-TTKST...	151
A.PT.04.P6_3	..A.PT.x.ALI	144
A.PT.10.P7_10	..A.GR--V-F-T-ACL-T-G...I...I...I-D-Q-IT-A-D...D...V...N...T-VA-K-STM-NVA-G-TITAP-T...	141
A.PT.10.P8_6	..AK--S-A-ACL-ATKPKK...I...I...I-D-Q-I-A-D...D...I...V...S...T-VA-D-SIPPNSTN-TPSS...	141
A.PT.92.93PTHDESC_13	..A.GRK--T-IA-A-LV-SS-SKO...I...K-S...I-D-Q-IT-A-D...D...I...V...S...T-VA-N-SGTPQSTPO-TVS-S...	143
A.PT.98.98PTHDECT_13	..GDR--V--A-TCL-N...0...I...K-S...I-D-Q-IT-A-D...D...V...N...T-VA-M...	140
A.SR.85.R0D	..MSSR--VT--A-ACL-V...0...I...K...I-D-Q-IT-A-D...D...V...R...T-VA-A-K-SNLS-ESTITSP-PGS...	120
A.SN.86.ST_JSP4_27	..GR--FV-S-A-ACL-V...0...I...K-S...I-D-Q-I-A-D...D...V...S...T-VA-K-SSTGNN-T-KS-SIT...	141
B.CI.88.UC1	..AHTS-H-F-LL-I--FLGH.KKN...I...V...T-V...T-IVS-I-A...VD-S...T-VA-N-NTG-NITTKPIITPI-T...	147
B.CI.x.20_56	..AHINSH-SL-I--CM-K...0...I...V...A-V...S-T-IVS-I-A...VD-N-L...T-VA-N-STNN-RTNNT-A-T-GM...	145
B.CI.x.EH0	..AHVNH-Y-VTL-I-I-YMKG.NF...I...K-S...R...V-D-T-IQ-I-A-D...D-TK-S...T-VA-V-K-TWSSASSE-TTSSA...	144
B.FR.00.LA44	..AHTS-H-LL-I--FM-K...0...I...S...T-IVS-I-A...VD-S...T-VA-N-SGNN-GANTTSPPTIA-T...	147
B.FR.98.LA44	..RFR-T-IT-IC-FV-Q...I...I...I-D-Q-IT-A-D...D...V...N...T-VA-K-TDRGANSSTPRAA...	147
B.GH.86.D205_ALT	..AYFSSR-P-L-IGIS-FV-K...0...I...K-V...I-T-V...I-T-VA-N-S-T-NPGNASSTT-KPT...	147
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	..AHINKY-FA-L-I-PMGE.DF...I...K-V...I-V...D-I-I-A-D...D-VA-N...T-VA-N-SNLN-TANT-ANNI-A...	143
B.x.06.8704A_06_01	..AYSSSR--L-I-I-V-R...0...I...K-K-V-L-T-I-V...D-T-IK-I-A-Q-V-R...T-VA-W-F-NG-NGTQERTNI...	139
F.US.08.NMK08	..ASP-LH-G--LQTW-G...I...K-V...N-V-IP-A...D...N...T-VA--T-EK--NKQN-MT-S...TTTT-PTTT-EKEIKGNET...	155
G.CI.92.Abt96	..AY--T--T-T-F...K...I-SV...I-D-L-A-D...D-V-N-T...T-VA--T-NK--GTT-V-PA-V...P-KMVAEL-S-Q...	151
AB.CM.03.03CM_510_03	..AYSSSC-P-TL--IC-FT-K...0...I-I-X-S...I-D-Q-IT-A-X...R...T-VA-N-TTT-ATPON-TRN...	137
H2_01_AB.CI.90.7312A	..GK-L-FV-S-A-A-L-V...0...I...V-S...I-D-Q-I-A-D...D-V-S...T-VA-S-STTATITPPSTNN-TT...	146
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	..GK-L-FV-S-A-ACL-S...K...I...V-S...I-D-Q-I-A-D...D-V-S...T-VA-N-TNITSNTPN-P-NI...	140
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	..GK-L-FV-S-A-ACL-S...K...I...V-S...I-D-Q-I-A-D...D-V-S...T-VA-N-TNITSNTPN-SPNI...	140
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	..WKG-L-F-S-A-ACL-S...K...I...V-S...I-D-Q-I-A-D...D-V-S...T-VA-N-TNIASNNTSASPP...	142
U.CI.07.071C_TNP3	..AY--L-C-MACV...0...I-V...D-L-L-I-A-D...D-V-S...T-VA--T-K--GTVA-T-P-N...	153
U.FR.96.12034	..A--L-C-MACV...0...I-N...D-L-L-A-D...D-V-S...T-VA--S-T-N--GTAA-T-P-P...	153
MAC.US.x.251_1A11	...E...T...KAM-E-IV-I...150	
MAC.US.x.751_32H_PJ5	...E...T...P-AS-P-A...150	
MAC.US.x.251_BK28	...E...T...S-ITTAAP...T-APV-E-I...153	
MAC.US.x.750_p413	...E...T...K-S-I-TTAPT...TPN-STKS-I...154	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	...E...T...K-S--TT...TTAKSVETR-I...154	
MNE.US.x.MNE027	...F-A-I...0...V-R...D-L-I-E...K-H...T-K--S-AP-T...K-TTKEIV-N-T...152	
SMM.CI.79_SIVsmCI2	...E-V-R-C-W...0...I-SV...D-Q-IRM...D...N...T-A-T-K-GNT-AAPT-TTTTA...VTATAV-TT-GG-II-D-TE...160	
SMM.LR.89_SIVsmLIB1	...A-V-A...0...I...I...D-ISI-A-D...D...N...T-A-K-N-N-RS-P...ETNI-I...149	
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	...P-LH--D-F-L-TW-A...0...I-I...Q...V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-Q-DRN-R-GGTA-TAA-TK...A-LTVP-KEI-D-F...154	
SMM.SL.92.CF1212	...P-LH--D-F-L-TW-A...0...I-I...Q...V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-K-N-RAN-S2-PTTS...PLTAASPGEEI-D-M...156	
SMM.US.00_FBR_12wpi	...V-A-A...0...I...H...D-L-I-A-D...D...N...T-A-T-K-NA-A-TT-TS...TTTT-KPNYAKVI-SNP...157	
SMM.US.04.G078	...V-A-A...0...I...V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-K-TD-K-GTT-OK-TTGP...ASKAKSATPVA-EV-TDS-P...159	
SMM.US.04.G932	...V-A-A...0...I...V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-K-TD-K-GVS-KNP-IVA...PTSRTA-LKPEL-DP...154	
SMM.US.04.M923	...L-V-L-V...0...I...K-V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-N--RTTAS-TIQKST...STTP-IOAVAEKV-DSTP...157	
SMM.US.04.M940	...P-SR--L-V-L-V...0...I...K-V...D-L-I-A-D...D...N...T-A-K-RTQ-NK-RDTE-GMT-ATPITTPSPITRNTGNTSRNVEIRANDT...156	
SMM.US.04.M947	...L-V-L-V...0...I...K-V...D-L-I-A-D...D...N...T-A--D...GTR-MKP-TEAS...TGTA-PITPAKVL-SDP...159	
SMM.US.04.M950	...L-V-L-V...0...I...K-V...D-L-I-R...D...N...T-A--D...TD-K-GTPS-TTAST...T-A-TPAVEL-D...152	
SMM.US.05.D215	...V-AC-W...0...I-V-S...D-MPI-A-D...D...N-S...T-A--D...GVQA-PTAST...TTKAIET-TDN-A...152	
SMM.US.06.FtQ	...S-ACS-K-K...I-V...D-L-A-E...V-N-K...T-A--RT-N--GNSD-TV-P...AKTTEKGEI-D-DP...156	
SMM.US.10.FPY_154wpi	...V-A-A...0...I-SV...E...D-L-I-A-D...D...N...T-A-D-T-K-GNATA-T-P-TI...SSKT-K-PAKVI-S...151	
SMM.US.06.CFU212	...L-V-L-V...0...I-K-V...E...D-L-I-A-D...D...N...T-A--A--GTAAPT-K-LK...TTS-TKBP-E-D-EP...154	
SMM.US.x.F236_H4	...L-V-L-V...0...I-K-V...E...D-L-I-A-D...D...N...T-A--T--GNAV-TTAIT...TTA-P-VAENVI-SNP...153	
SMM.US.x.PBJ_6P6	...L-AS-V...0...I-K-V...E...D-L-I-A-D...D...N...T-A--T--GTPAP-TIQ-TTIQ...ASTTP-SPITAK-DSDP...158	
SMM.US.x.PGM53	...L-V-L-V...0...I-K-V...R...D-L-I-R...D...N...T-A--T--NEIP-TT-TTT...KSPKAEATKAVI-SDP...156	
SMM.US.x.SME543	...L-V-L-V...0...I-K-V...R...D-L-I-A-D...D...N...T-A--T--GRAE-TTAKST...TST-TTVPKVI-GD...155	
STM.US.89.STM_37_16	..A-P--L-ACL...0...I...I...D-L-I-A-D...D...N...T-A--N-K--GKTV-VTP...AAA-AT-PEL...151	

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.FR.x.PE12 KR KRCC
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH3
A.GM.87.D194
A.GM.90.CBL24
A.GM.x.CBL21
A.GM.x.CBL22
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.CA65316_9
A.GW.06.CA65319_7
A.GW.06.CA65330_5
A.GW.06.CA65409_14
A.GW.86.Fclone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.CA7205_8
A.GW.x.CA7253
A.GW.x.CAM1
A.GW.x.CAM3
A.GW.x.CAM4
A.GW.x.CAM5
A.GW.x.CAM6
A.GW.x.HDS
A.IN.07.NWVA
A.IN.95.CR1K_147
A.JP.08.NMC786clone_41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.NL.03.RH2_24
A.PT.00.09PTHCC20_1
A.PT.03.AB6
A.PT.03.P1_6
A.PT.03.P2_7
A.PT.03.P3_12
A.PT.03.P4_11
A.PT.04.P6_3
A.PT.10.P7_10
A.PT.10.P8_6
A.PT.92.93PTHDESC_13
A.PT.98.98PTHDECT_13
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA44
B.GH.86.D205_ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
B.x.06.8704A_06_01
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90_7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.750_p413
MAC.US.x.MM142_IVMXX
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL192A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.00.FBR_12wpi
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.10.FPY_154wpi
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

Table with columns V1 and V2 containing amino acid sequence alignments for various HIV-1 strains. The table lists residues from different strains side-by-side, with gaps represented by dashes. The strains listed include MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2, A.DE.x.BEN, A.FR.x.PE12 KR KRCC, A.FR.01.LA42, A.FR.02.LA36GomM, A.FR.93.LA37, A.FR.96.LA40, A.FR.98.LA39, A.FR.98.LA41, A.GH.x.GH3, A.GM.87.D194, A.GM.90.CBL24, A.GM.x.CBL21, A.GM.x.CBL22, A.GM.x.ISY_SBL_6669_85, A.GM.x.MCN13, A.GW.06.CA65316_9, A.GW.06.CA65319_7, A.GW.06.CA65330_5, A.GW.06.CA65409_14, A.GW.86.Fclone_NIHZ, A.GW.87.CAM2CG, A.GW.x.CA7205_8, A.GW.x.CA7253, A.GW.x.CAM1, A.GW.x.CAM3, A.GW.x.CAM4, A.GW.x.CAM5, A.GW.x.CAM6, A.GW.x.HDS, A.IN.07.NWVA, A.IN.95.CR1K_147, A.JP.08.NMC786clone_41, A.NL.01.RH2_13, A.NL.01.RH2_14, A.NL.01.RH2_3, A.NL.01.RH2_7, A.NL.02.RH2_5, A.NL.03.RH2_21, A.NL.03.RH2_24, A.NL.03.RH2_24, A.PT.00.09PTHCC20_1, A.PT.03.AB6, A.PT.03.P1_6, A.PT.03.P2_7, A.PT.03.P3_12, A.PT.03.P4_11, A.PT.04.P6_3, A.PT.10.P7_10, A.PT.10.P8_6, A.PT.92.93PTHDESC_13, A.PT.98.98PTHDECT_13, A.PT.x.ALT, A.SN.85.ROD, A.SN.86.ST_JSP4_27, B.CI.88.UC1, B.CI.x.20_56, B.CI.x.EH0, B.FR.00.LA44, B.FR.98.LA44, B.GH.86.D205_ALT, B.JP.01.IMCJ_KR020_1, B.x.06.8704A_06_01, F.US.08.NMK08, G.CI.92.Abt96, AB.CM.03.03CM_510_03, H2_01_AB.CI.90_7312A, H2_01_AB.JP.04.NMC307_20, H2_01_AB.JP.07.NMC716_01, H2_01_AB.JP.08.NMC842_10, U.CI.07.07IC_TNP3, U.FR.96.12034, MAC.US.x.251_1A11, MAC.US.x.251_32H_PJ5, MAC.US.x.251_BK28, MAC.US.x.750_p413, MAC.US.x.MM142_IVMXX, MNE.US.x.MNE027, SMM.CI.79.SIVsmCI2, SMM.LR.89.SIVsmLIB1, SMM.SL.92.SIVsmSL192A, SMM.SL.92.SL92B, SMM.US.00.FBR_12wpi, SMM.US.04.G078, SMM.US.04.G932, SMM.US.04.M923, SMM.US.04.M940, SMM.US.04.M947, SMM.US.04.M950, SMM.US.05.D215, SMM.US.06.FTq, SMM.US.10.FPY_154wpi, SMM.US.06.CFU212, SMM.US.x.F236_H4, SMM.US.x.PBJ_6P6, SMM.US.x.PGM53, SMM.US.x.SME543, STM.US.89.STM_37_16.

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE22 KR KRCCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GM.x.GH3
A.GM.87.D194
A.GM.90.CBL24
A.GM.x.CBL21
A.GM.x.CBL22
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.CA65316.9
A.GW.06.CA65319.7
A.GW.06.CA65330.5
A.GW.06.CA65409.14
A.GW.86.F.clone.NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.CA7205.8
A.GW.x.CA7253
A.GW.x.CAM1
A.GW.x.CAM3
A.GW.x.CAM4
A.GW.x.CAM5
A.GW.x.CAM6
A.GW.x.HDS
A.IN.07.HVA
A.IN.95.CR1K.147
A.JP.08.NMC786.clone.41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.NL.03.RH2.25
A.PT.00.00PTHCC20.1
A.PT.03.AB6
A.PT.03.P1.6
A.PT.03.P2.7
A.PT.03.P3.12
A.PT.03.P4.11
A.PT.04.P6.3
A.PT.10.P7.10
A.PT.10.P8.6
A.PT.92.93PTHDESC.13
A.PT.98.98PTHDECT.13
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4.27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA44
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.IMCJ.KR020.1
B.x.06.8704A.06.01
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.750.p413
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.00.FBR.12wpi
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.10.FPY.154wpi
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM.37.16

Sequence alignment table for HIV-2 proteins, showing amino acid sequences for various strains and domains V3, V3 tip, and V4. The table includes strain identifiers on the left and residue positions on the right.

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GM.x.GH3
A.GM.87.D194
A.GM.90.CBL24
A.GM.x.CBL21
A.GM.x.CBL22
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.CA65316.9
A.GW.06.CA65319.7
A.GW.06.CA65330.5
A.GW.06.CA65409.14
A.GW.86.FAclone.NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.CA7205.8
A.GW.x.CA7253
A.GW.x.CAM1
A.GW.x.CAM3
A.GW.x.CAM4
A.GW.x.CAM5
A.GW.x.CAM6
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NWVA
A.IN.95.CR1K.147
A.JP.08.NMC786.clone.41
A.NL.01.RH2.13
A.NL.01.RH2.14
A.NL.01.RH2.3
A.NL.01.RH2.7
A.NL.02.RH2.5
A.NL.03.RH2.21
A.NL.03.RH2.24
A.PT.00.09PTHCC20.1
A.PT.03.AB6
A.PT.03.P1.6
A.PT.03.P2.7
A.PT.03.P3.12
A.PT.03.P4.11
A.PT.04.P6.3
A.PT.10.P7.10
A.PT.10.P8.6
A.PT.92.93PTHDESC.13
A.PT.98.98PTHDECT.13
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4.27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA44
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.IMCJ.KR020.1
B.x.06.8704A.06.01
F.US.08.Nwk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.L2034
MAC.US.x.251.IA11
MAC.US.x.751.32H.PJ5
MAC.US.x.751.BK28
MAC.US.x.750.p413
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SI.92.SI92B
SMM.US.00.FBR.12wpi
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.10.FPY.154wpi
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM.37.16

CAFRQVCHTTVPV...	PNASLTPKWNNETWQEWERKVDLFLEENITALLLEAQIQOENMYELQKLNWSVDVFNWFLASWIKYIQY.GVYIVGVILLRIVYIVQMLAKLRQGYRPFVSSPPSYFOOTHITQODPALPTREGKERDGGEGGSSWMPQIEYIHFLIRO	775
-T	V-D-R-M-KO-RY-A-SOS	765
V-D-S-D-K-M-KO-RY-A-SOS	IL-T-V-H-I-A-A-V-L-SRF-K	760
Y-L-E-N-IV-D-M-QOIR-A-SRS-Q	VII-I-A-A-V-L-SRF-K	758
S-V-DT-D-M-E-RY-V-SKS-Q	I-IVA-A-L-SRF-K	753
V-DTLE-E-M-Q-IRY-A-SOQA	I-IVA-A-L-SRF-K	750
V-D-K-D-K-M-Q-OIR-A-SES-Q	I-IVA-V-SRF-K	747
V-D-R-D-M-Q-RR-A-SOS-Q	T-A-S-D-M-I-IVA-I-SRF-K	760
S-RYT-DT-A-D-M-Q-NOIRY-A-SVO-Q	AI-AF-V-GR-R	752
V-D-I-D-Q-M-E-RY-A-SOS-Q	N-T-V-L-I-VA-A-SRF-K	756
-L-S-V-D-T-E-M-Q-RY-A-SOQA	I-I-D-G-T-F-I-VA-A-L-SRF-K	767
V-D-S-D-M-KO-RY-A-SOS-Q	I-I-G-A-L-SRF-K	751
V-D-D-D-M-KR-HY-A-SOS-Q	T	751
V-D-Q-D-M-Q-HO-RY-A-SO-Q	VII-I-A-IV-V-SRF-K	761
V-DT-Q-D-M-K-OQIRY-A-SO-Q	T-R-I-A-I-V-SRF-K	761
V-D-R-D-M-QOIRY-A-SO-Q	F-I-VA-I-V-SRF-K	757
V-DT-E-M-G-IRD-A-SOQ-Q	M-II-IVV-V-SRF-K	755
V-DT-E-N-M-KO-RY-A-SO-Q	I-IVVF-SRF-K	778
V-DT-D-M-QO-RY-A-SOS-Q	T-N-LS-T-G-I-IVI-SRF-K	755
V-DT-Q-M-D-OQ-RR-A-SO-Q	G-V-T-VR-I-IVAF-V-SRF-K	756
S-V-D-D-K-M-Q-RR-A-SOS-Q	H-IR-A-SES-Q	753
S-V-DT-D-M-Q-RY-A-SOS-Q	T-L-FT-VR-V-IVA-V-SRF-K	752
S-A-E-D-M-Q-RY-A-SOS-Q	L-N-T-I-S-I-IV-V-SRF-K	762
S-V-DT-I-N-M-QO-RR-A-SO-Q	T-T-F-II-I-AF-V-SRF-K	749
V-DT-M-D-K-M-K-OQIRY-A-SOS-Q	T-T-L-T-I-A-V-SRF-K	753
V-DT-D-A-M-Q-RY-A-SO-Q	R-I-I-V-A-VI-SRF-K	761
V-D-D-M-Q-RR-A-SEM-Q	I-T-R-I-I-V-SRF-K	763
-V-V-D-N-M-LRTR-DA-SO-Q	S-T-R-IVV-ISR-K	763
T-D-D-M-H-IRD-A-SOS-Q	S-T-R-F-II-IVV-V-SRF-K	756
V-D-D-M-Q-RY-A-SOS-Q	T-L-V-C-A-I-V-SRF-K	765
V-D-E-D-E-M-Q-RY-A-SOK-Q	I-T-I-T-I-I-V-L-SRF-K	772
V-DT-V-K-M-CK-Q-RR-A-SOS-Q	I-T-I-T-I-I-V-L-SRF-K	774
V-D-D-K-M-Q-RY-A-SOS-Q	S-I-T-I-V-V-SRF-K	762
A.JP.08.NMC786.clone.41	L-S-T-R-F-IA-A-V-SRF-K	762
V-D-D-D-M-Q-SO-R-A-D-Q	T-T-F-I-IVA-V-SRF-K	761
A-DT-D-M-E-RY-A-SOS-Q	I-L-IVV-V-SRF-K	767
V-D-K-D-M-Q-DO-RR-A-SO-Q	I-I-T-HL-IVV-VI-SRF-K	758
A.NL.01.RH2.7	S-V-DT-D-M-Q-NO-RR-A-SO-Q	766
S-ETV-TN-N-M-QOIRY-V-SOS-Q	I-T-F-I-IVA-V-SRF-K	761
A.NL.03.RH2.21	EYTNK-D-M-Q-ENTRD-A-SR-Q	758
A.NL.03.RH2.24	EYTNK-D-M-Q-TRX-A-SKA-Q	760
A.PT.00.09PTHCC20.1	V-D-TQ-N-M-Q-LO-RD-V-SO-Q	724
A.PT.03.AB6	V-D-D-M-Q-RR-A-SO-Q	767
A.PT.03.P1.6	T-V-D-K-D-M-Q-OR-RY-A-SOS-Q	765
A.PT.03.P2.7	V-E-N-D-M-Q-O-RY-A-SO-Q	770
A.PT.03.P3.12	S-V-DT-R-D-M-E-IRY-V-SO-Q	761
A.PT.03.P4.11	S-V-DT-K-D-M-Q-RR-A-SO-Q	778
A.PT.04.P6.3	V-D-D-M-Q-IRD-A-SO-Q	764
A.PT.10.P7.10	V-DT-D-K-M-E-RY-A-SOS-Q	763
A.PT.10.P8.6	S-S-A-D-S-D-M-Y-IRD-V-SO-Q	761
A.PT.92.93PTHDESC.13	V-D-K-D-M-Q-O-RY-A-SOS-Q	767
A.PT.98.98PTHDECT.13	V-D-TQ-D-K-M-LR-RD-V-SO-Q	722
A.PT.x.ALT	V-N-K-D-M-QO-RR-A-SO-Q	758
A.SN.85.ROD	A-D-D-M-QO-RR-A-SO-Q	761
A.SN.86.ST.JSP4.27	V-DT-D-M-QORIRN-A-SES-Q	755
B.CI.88.UC1	E-T-D-E-M-Q-KR-N-DA-R	764
B.CI.x.20.56	E-N-TDM-Q-E-HY-DA-H	754
B.CI.x.EHO	V-E-K-D-M-Q-O-R-DA-K	759
B.FR.00.LA44	E-T-Q-M-Q-AO-NY-DA-Q	778
B.FR.98.LA44	E-T-Q-D-G-M-Q-RR-A-SO-Q	774
B.GH.86.D205.ALT	E-T-N-M-Q-KO-H-DA-I	763
B.JP.01.IMCJ.KR020.1	KNF-N-D-M-Q-NO-R-D-K-V-E-K-Q	752
B.x.06.8704A.06.01	E-T-K-D-M-Q-O-NS-A-Q	766
F.US.08.Nwk08	D-T-Q-N-D-M-T-E-Q	783
G.CI.92.Abt96	DALGA-KT-E-Q-M-KQIN-D-R	780
AB.CM.03.03CM.510.03	V-E-N-D-M-Q-E-RD-A-SO-Q	753
H2.01.AB.CI.90.7312A	V-D-D-D-M-Q-KOIRD-A-SES-Q	764
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20	V-D-A-D-D-M-Q-KOIRY-A-SES-Q	758
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01	V-D-A-D-D-M-Q-KOIRY-A-SIS-Q	755
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10	G-D-D-M-Q-TOIRY-A-SES-Q	762
U.CI.07.07IC.TNP3	V-N-Q-D-M-V-KD-V-Q	780
U.FR.96.L2034	I-DT-N-D-M-E-NY-Q-A	775
MAC.US.x.251.IA11	D-D	773
MAC.US.x.751.32H.PJ5	D-D	774
MAC.US.x.751.BK28	D-D	776
MAC.US.x.750.p413	N-D	778
MAC.US.x.MM142.IVMXX	D-D	777
MNE.US.x.MNE027	N	777
SMM.CI.79.SIVsmC12	E-NT-Q-D-M-I-IRD-A-SES-Q	785
SMM.LR.89.SIVsmLB1	E-KT-Q-N-E-M-A-Q	774
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	D-D-M-Q-A-LM	781
SMM.SI.92.SI92B	L-D-V-D-M-K-E-A-RL	782
SMM.US.00.FBR.12wpi	E-T-L-N-M-KO-N-A-Q	785
SMM.US.04.G078	D-N-M-Q-Y-A-EM	786
SMM.US.04.G932	D-I-D-M-K-N-A-SLM	782
SMM.US.04.M923	DT-D-M-QO-N-A-Q	786
SMM.US.04.M940	DT-I-D-M-QO-N-A-LM-V	798
SMM.US.04.M947	ET-N-M-Q-Y-A-L	785
SMM.US.04.M950	S-M-E-M-Q-A-M	785
SMM.US.05.D215	S-T-N-M-Q-O-A-QM	780
SMM.US.06.FTQ	V-D-Q-D-M-QO-AY-A-QO-L-D	777
SMM.US.10.FPY.154wpi	V-D-L-N-M-KO-N-A-Q-D	784
SMM.US.06.CFU212	E-A-NV-D-M-Q-Y-A-L	783
SMM.US.x.F236.H4	ET-V-N-M-Q-Y-A-Q	781
SMM.US.x.PBJ.6P6	DT-N-M-QO-N-A-OS-T	785
SMM.US.x.PGM53	V-N-M-Q-D-A-OA	784
SMM.US.x.SME543	D-V-N-D-M-G-A-Q	783
STM.US.89.STM.37.16	D-V-D-M-A-Q-V	778

MAC.us.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE22 KR KRCCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GM.x.CH3
A.GM.87.D194
A.GM.90.CBL24
A.GM.x.CBL22
A.GM.x.CBL22
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.CA65316_9
A.GW.06.CA65319_7
A.GW.06.CA65330_5
A.GW.06.CA65409_14
A.GW.86.F.clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.CA7205_8
A.GW.x.CA7253
A.GW.x.CAM1
A.GW.x.CAM3
A.GW.x.CAM4
A.GW.x.CAM5
A.GW.x.CAM6
A.GW.x.HDS
A.IN.07.NWVA
A.IN.95.CR1K_147
A.JP.08.NMC786.clone_41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.00.00PTHCC20_1
A.PT.03.AB6
A.PT.03.P1_6
A.PT.03.P2_7
A.PT.03.P3_12
A.PT.03.P4_11
A.PT.04.P6_3
A.PT.10.P7_10
A.PT.10.P8_6
A.PT.92.93PTHDESC_13
A.PT.98.98PTHDECT_13
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205_ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
B.x.06.8704A_06_01
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90_7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.us.x.251_1A11
MAC.us.x.251_32H_PJ5
MAC.us.x.251_BK28
MAC.us.x.750_p413
MAC.us.x.MM142_IVMXX
MNE.us.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL192A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.us.00.FBR_12wpi
SMM.us.04.G078
SMM.us.04.G932
SMM.us.04.M923
SMM.us.04.M940
SMM.us.04.M947
SMM.us.04.M950
SMM.us.05.D215
SMM.us.06.FIQ
SMM.us.10.FPY_154wpi
SMM.us.06.CFU212
SMM.us.x.F236_H4
SMM.us.x.PBJ_6P6
SMM.us.x.PGM53
SMM.us.x.SME543
STM.us.89.STM_37_16

LIRLLTMLFSNCRLLSRVYQIOLPILORLSA...TLQRREVRLETELTYLQYGSWFHEAVQAVWRSATETLAGAWDLWETLRGGWILLAI PRRI RQGLLETL*
-T--G-Y-I-D--ANSPTRRLL-S-N.....TA-DW-LKAA--CEWIO-F-IA-T-R-----RG-CKAVO-I-G-V-----A-IA---
-T--IG-YNI-D--KNSPTRRLL-S-S.....TA-DW-LKAAQ--CEWIO-F-FA-TTR-----W-AA-I-G-V-----A-IA---
-----G-Y-V-KD--SFPT-L-F-S-Q.....RA-TT-DW-LTAA--CEWIO-VL-VLA-TTR--S-R--GAMG-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNI-D--V-F-SEP-T-N.....DW-LKVAF--CEWIOD-F-AA-ATR--TS-CR-M-GV-G-I-G-----A-IA---
-----G-YNI-D--V-ISP-L-S-Q.....R-TAT-DW-LKVA--SEWIO-F-FA-ATR--S-GRN-GA-WF-GL-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--IF-T-N.....RA-TA-DW-LKTAF--CEWIOG-F-CA-T-R-----CRG-GL-G-I-G-----A-IA---
-----G-YNI-KD--ISL-T-S-Q.....RA-TA-DW-LKAA--SEWIOD-F-FA-ATR-----ET-G-GOV-G-V-----A-IA---
-----G-Y-I-D--IP-T--G-R--RV-TT-DW-LKTA--CEWIO-F-FA-VTR--TN-CRG-R-E-I-G-V-----A-IA---
-----R-YDI-N--ISL--F-S-Q.....RA-TA-DW-LK-A--SEWIO-F-FAKATR--TS-CRG-G-G-I-G-R-A-V-----A-IA---
-----G-YNI-D--ISL--F-S-Q.....RA-TA-DW-PKTA--CEWIO-F-FA-ATG--S-CRGE-R-GYI-G-----A-IA---
-----T--G-YNI-D--TNSPTRRLL-S-N.....TA-DW-LKAA--CEWIO-F-FAKTR--S-CR--GA-V-G-V-----A-IA---
-----T--G-YNS-G--KNSPTRRLL-S-S.....TA-DW-LKAA--CEWIO-FR-FA-T-R-I-----RG-CAAQ-I-G-V-----A-IA---
-----IG-YNI-D--SSL-S-Q.....RA-TA-DW-L-AA--CEWIO-L-LT-ATR-----RN-GA-Q-I-G-V-----A-IA---
-----IG-YNI--I-KSF-T--S-G-Q.....RA-TA-DW-PGAA--CEWIO-L-FA-ATR--TSV-RNFCG-MGOI-G-----A-IA---
-V--Y-S-D--SFL-----A-DW-LKAA--CEWIO-FR-FAKTR-----GG-G-I-E-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--L-L-----A-DW-LKAA--CEWIO-F-LA-VTR--TS-GRS-GA-G-I-G-V-----A-IA---
-----AG-YNI-N--ISLT-R-VF-S-Q.....RA-TA-DW-DAA--CEWIOG-F-FA-ATR--T-R--GA-Q-I-G-V-----A-IA---
-Q--G-Y-I-D--IFP--F-G-Q.....RA-AAT-DW-LNTA-R--CEWIO-F-FA-ITR--TSI-R-F-R-G-I-GV-----A-IA---
-----R-YNI-N--SFL--V-N.....DW-LKTA--CEWIO-F-AA-ATR--TS-CRS-G-GOI-G-----A-IA---
-----IG-YNI-D--TSL--SRS-Q.....RA-TA-DW-LKIA--SEWIO-F-FA-A-R--TSM-RN-GA-WI-EVF-V-----A-IA---
-----R-YNI-SS--IF-T-LT-N.....L-DW-LNTAF--CEWIO-F-FA-ATR--S-CR-GL-G-I-G-----A-IA---
-----G-YNI-D--ISP--F-S-Q.....RA-TA-DW-LKAA--CEWIO-F-LA-TTR-----GR-RA-Q-I-G-V-----A-IA---
-----G-YNI-N--IF-T-N.....DW-PKFAF--CEWIO-F-AA-A-R--CR-V-GM-Q-I-G-V-----A-IA---
-----R-HNI-D--GFLT-LLP-S-Q.....RA-TAT-DW-LKTAH--FEWIO-FN-FAGT-R-T-R--GA-QWV-R-----A-IA---
-----IT-YNS-D--IF-T--RN.....L-DW-IKTAL--CEWIO-F-AA-TTG--CRG-R-G-I-G-F-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--SFL--N.....L-DW-ASTAF--CEWIO-F-EG-A-K--TS-CR-G-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--SFLT--F-N.....RA-TA-DW-LKTAH--CEWIO-F-FA-ATR--TS-CR--DNF-S-----A-IA---
-----R-Y-S-D--SFLT--F-N.....RA-TA-DW-LKAA--CEWIO-F-FA-T-R--RN--AMG-L-G-V-----A-IA---
-----G-YNS-N--KSFLL-L.....DW-LNTAF--CEWIO-F-FA-ATR--TS-GRS-G-G-I-G-V-----A-IA---
-----R-Y-S-D--SFLT--N.....L-DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-F-R--S-CRS-G-G-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--IFLT--F-N.....DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-VTR--TS-CRG-G-G-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--SFLT--N.....L-DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-A-R--T-CR-G-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNS-KD--SFLT--N.....DW-LKTAF--CEWIO-F-FA-T-GK--S-GRN-CG-VE-I-G-----A-VA---
-----R-YEI-S--IF-T-L.....DW-WKTAH--CEWIO-F-FA-T-R--EF-TA--F-G-V-----A-IA---
-S--IG-Y-I-D--TF-AVF-S-Q.....RA-TA-DW-LKIA--GEWIO-F-FA-A-R-T-GR--GA-Q-I-G-F-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--SF-T-N.....DW-LKVAF--CEWIOD-F-AA-A-R-T-CR-G-V-GOI-G-----A-IA---
-----IG-Y-I-D--TF-AVF-S-Q.....RA-TA-DW-LKTAF--CEWIO-F-FA-A-R-T-GR--CA-QWL-GV-F-----A-IA---
-----R-YNI-D--ISL--F-N.....RA-TA-DW-LKIA-H--CEWIO-F-FA-A-R-T-GR--GA-WI-EVF-V-----A-IA---
-----R-YNI-N--SF--A-N.....DG-RVAF--CEWIOD-F-FA-ATR--TS-CRS-G-G-I-G-V-----A-IA---
-H--YGI-N--ISL--A-N.....NW-LKTA-H--CEWIO-F-FA-TTR--R-S-GA--I-GL-----A-IA---
-----YGI-NS--IFL-----DW-LKTA-H--CEWIO-F-FA-TTR--R--GA--I-GL-----A-IA---
-----G-YNI-D--SSL-S-Q.....RA-TA-DW-LKAA--CEWIO-FG-FA-ATR--TS-GR--GA-Q-I-G-V-----A-IA---
-----R-YNS-D--SFLT--N.....L-DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-A-R-T-CR-G-I-G-V-----A-IA---
-H--G-YNI-N--TFRT-VF-N.....DW-LRTAF--CEWIO-F-AA-ATR--CRG-GV-E-IR-G-P-V-----A-IA---
-P-H--IR-YNI-KD--SSR--F-A.....TA-DW-LKAA--CEWIO-F-FA-ATR--S-G-GA-QWI-G-V-----A-IA---
-A--R-Y-S-D--IFLT-L-N.....DW-PKTA--CEWIO-FR-FA-ATR--S-CR--GI-G-V-G-----A-IA---
-----IG-YNI-D--ISL--S-S-Q.....RA-AAT-DW-LKAA--GEWIO-C-VLA-T-R--R-M-GA-Q-I-G-----A-IA---
-----IG-YNS-KN--SFLT--N.....DW-LKVA--CEWIOG-F-FA-VTR--TS-RNF-G-G-I-G-V-----A-IA---
-----IG-YNS-KD--KSFLL-I-C-YF.....LD-KLRAAF--FEWIOD-FR-AA-A-R--CRN-GV-G-I-A-F-----A-IA---
-----G-YNI-D--TFL--V-RS-Q.....RA-TAT-DW-LKTA--CEWIO-F-LG-ITR--S-R--GA-Q-I-G-----A-IA---
-----I-H-S-SM-I--TFL--SAF-N.....L-DW-LKTA--CEWIO-F-AA-ATR--GRS-GA-G-I-E-V-----G-A-IA---
-----IG-YNI-D--SSL--F-N-Q.....RA-TA-DW-LKAA--RCE-IO-FR-FT-ATR--TS-GR--GA-QI-EGM-----A-IA---
-A--IG-Y-I-D--ISP--FRS-Q.....RA-TT-DW-LKAA--CEWIO-FR-FA-I-R--TNT-GAVQWV-R-V-----A-IA---
-----R-Y-I-D--SFLT-L-N.....DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-ATR--CRG-RV-E-I-G-V-----A-IA---
-----NR-YNI-D--SF-T-L-S-S-R.....RA-TAV-DW-FNTA--GEWIO-FR-FA-ATG--TN-RGF-G-GOI-G-V-----A-IA---
-----R-N-I-YNG-N-LKTS--A-S.....OP-LS-A--I-W-O--I-AT-A-R--NTGRA-KA--TAEA-I-----A-IA---
-----R-N-I-YNG-N-LTS--A.....OP-LS-A--I-WLO--I-AT-A-G--N-GR-A--A--TAGA-I-V-----A-IA---
-----RD-I-Y-G--KTF-T-V.....OP-LPPA-R--I-W-O--I-AA-A-G--S-ARTS-GV--AAGE-I-----A-IA---
-----R-N-I-YDG-N-LKTS--LA.....OP-LP-A--IGW-O--AT-A-G--NTGRA--AA-A-I--T-----A-IA---
-----R-N-I-Y-S-LKTF--LA.....OP-LP-A--IGW-O--AT-A-G--AA-ATR--AA-ATR-----RF-----A-IA---
-----R-N-I-YNG-LKTF--HQ-STN.....OP-LPVA--I-W-O--LR-AA-ATG--S-GET--AA-AT-A-----A-IA---
-----R-N-I-YNG-S-LKIF-P-LVF.....QQ-LP-A--IGW-O--I-AT-A-G--TNTGRA--A-TA-A-V-----A-IA---
-----R-N-I-YNG-LKTF-----P-LP-A--IGW-O--LR-AA-ATG--S-GETF--A-MA-A-I-----A-IA---
-----Y--D-I-Y-SF-T-HOLT-WILRRISAATAT-DFI--AS-IS--Q-L-L-AM-A-G--S-G-E-A-G-I-GL-V-----A-N---
-----G-N--Y--A--IX-T--LF-I-R.....A-H-L-AA-FS--FRWLO-CT-AT-A-Q--TST-RA-K-G-V-G-----A-IA---
-----R-N-I-YNG--LKTS-----OP-LPFA--IGW-O--LR-AA-ATR--S-GET--A-GAA-A-----A-IA---
-----R-N-I-YDG--LKTF-T-A.....OP-LLFA--IGW-O--AAGATG--STGR-T--TA-G-I-V-----A-IA---
-----R-N-I-YEG--KTF--LA-R.....P-LP-AH--I-WLO--AA-A-G--TS-SRTI--A-TA-G-I-----A-IA---
-----R-N-I-YEG--KTF--QA-R.....P-LP-AH--I-WLO--AA-A-G--S-SRT--A-TA-G-V-----A-IA---
-----R-N-I-YEG--KTF-T-LT.....P-LP-AH--I-WLO--AA-A-G--TS-IRTI--A-TA-G-I-----A-IA---
-----Y-F-AW-OSF-S-AAC.....V-TA-H-L-GA--COW-O-L-G-KAXR--S-R--G-V-G-----F-A---
-----Y-S-D--IC-S-LF-SI.....R-HL-IA--Q-K-F-FGKA-R--SRTGRE--G-V-LR-----F-A---
-----R-----N-----VD-----*-----A-----
-----A-----R-V-----Q-----VG-----R-----
-----A-----V-R-----Q-----G-----R-----
-----A-----F-----R-----L-----Q-----AQ-----E-----A-----Q-----
-----A-----F-----F-----V-----V-----Q-----VA-----G-V-----E-----
-----YN--D-VL-IF-S-G-F-LV.....AA-NRI-PRIA--Q-Q-C-EAA-A-R--S-GR--G-I-GL-A-----AF-----
-----YN--AW-F-IC-N-RQLF--E--AI-PV--I-R-F--W-ED-L-A-A-R--S-R--Q-G-I-GLW-----A-IA---
-----H--YNS-A-L-L-IF-S-TY-LS.....LTS--DI--RAVA-IR--Q-I-SL-EAIA-RQ--VSTGRTI-Q-GHI-G-A-----N---
-----I--YN-LTR-A-A-N-QLC--E--IS-P--LV-R-A-IR--N-I-C-EA--Q-AIV--LI--G-V-G-A-----M-N---
-----N--Y-L-I--VF-FS--Q--I--IS--CRW-O--A-A-R--ST-R-----G-V-G-----I-----
-----V--N--AW--I-S--TF--E--A--FI-LRV--W-K--A-K-R--S-R-I--G-V-GL-----F-----
-----YDS--L-IC-T--VF-YK--E--A--II--A--RW-K--A--R--GR--EGV-E-----A-IA---
-----NS--DW-L-SC--V-S-R--V--V--I-V-I--R--O--A-W-KF-R--S-R--G-V-G-----A-IA---
-----N--AW-L-IF-S--VF--E--V-T-DL--I--R--O--A-W-KF-R--S-R--G-V-G-----A-IA---
-----I--N--DW-L-S--A-S-LK--E--V--I--I--R--O--A-W-KF-R--S-R--G-V-G-----F-----
-----N--C-L-I--VF--F--I--VO-I-IA--CRW-O--AY-A-R--TS-R--I-G-V-----A-IA---
-----L--YNS--AW-QIC-T--VF-I-E--V-T-IT--T--W-O--I-FFKF-R--S-R--G-V-G-A-----F-M---
-----YD--W-LNS-S--V-RGI-R--A--V--I-L--W-O--A-AFKA-R--S-R--I-V-G-M-----A-IA---
-----S--Y-L-I--VF-FS--A--Q--I--IA--CRWLO--A--R--ES--R--G-V-G-----I-----
-F--Y-S--L-I--N--V--S--V--A--TI--IG--CLW-K--L--AG-A-GO--S--I--G-V-G-N-----A-IA---
-----S--DW-L-S--V-S-T--V--I--I-IA--R--O--W-KL-R--S--I--G-V-G-----A-IA---
-----S--DW-L-NC-T--V-S-R--A--I-VOIA--R-LQ--A-W-KFVR--S-R--G-V-G-----A-IA---
-----N--Y-L-I--VF-----V--IS--CRW-O--A--ARG--S-R-S--G-V-V-----A-IA---
-----S--DW-L-I--V--R--V--I--I--Q--A-W-KF-R--S-R-I--G-V-G-----V-----A-IA---
-V--YN-F-AC--I-T-H-TF-I-R.....I--V-LGAA--CIWIO-A-A-A-G--S-GR--G-V-R-G-----A-IA---

Env end
gp41 end*

879
866
861
858
862
855
869
865
857
861
861
852
852
866
866
851
847
860
883
853
861
859
857
860
860
854
851
860
861
861
850
863
870
860
860
856
866
865
860
861
859
852
852
829
865
863
872
859
883
862
863
866
865
826
863
859
860
846
860
892
885
847
858
852
849
856
882
868
877
879
881
883
882
883
887
879
886
887
890
891
887
891
900
890
890
885
882
889
888
886
890
886
888
883

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.X.BEN
A.DE.X.PET2 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.H42
A.FR.02.LA36GomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH2
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.03.20P2C9_8
A.GW.03.29P2E9_6
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.JP.88.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.x.1139
A.PT.x.1147
A.PT.x.1148
A.PT.x.1215
A.PT.x.1227
A.PT.x.1268a
A.PT.x.1320
A.PT.x.1378
A.PT.x.138
A.PT.x.1428
A.PT.x.1543
A.PT.x.1544
A.PT.x.1567
A.PT.x.268
A.PT.x.293a
A.PT.x.794
A.PT.x.483
A.PT.x.511
A.PT.x.546
A.PT.x.741
A.PT.x.LF3
A.PT.x.956
A.PT.x.ALI
A.PT.x.B1_1
A.PT.x.EP
A.PT.x.LF3
A.PT.x.LG2
A.PT.x.P1
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_35P4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.NMK08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.FR.96.12634
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H P35
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SIVsmSL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

Table with columns: Nef start, R17Y mutation, premature stop in Mac239, max HIV-1 similarity. Rows list various HIV-2 protein sequences and their alignments to HIV-1 proteins.

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.A442
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.C14
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.03.20P2C9_8
A.GW.03.29P2E9_6
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.JP.88.NMC786 clone 41
A.NL.01.RH2_13
A.NL.01.RH2_14
A.NL.01.RH2_3
A.NL.01.RH2_7
A.NL.02.RH2_5
A.NL.03.RH2_21
A.NL.03.RH2_24
A.PT.x.1139
A.PT.x.1147
A.PT.x.1148
A.PT.x.1215
A.PT.x.1227
A.PT.x.1268a
A.PT.x.1320
A.PT.x.1378
A.PT.x.138
A.PT.x.1428
A.PT.x.1543
A.PT.x.1544
A.PT.x.1567
A.PT.x.268
A.PT.x.293a
A.PT.x.427d
A.PT.x.483
A.PT.x.511
A.PT.x.546
A.PT.x.741
A.PT.x.794
A.PT.x.956
A.PT.x.ALI
A.PT.x.B1_1
A.PT.x.EP
A.PT.x.LF3
A.PT.x.MP2
A.PT.x.P1
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020_1
F.US.08.Nwk08
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10
U.CI.07.07IC TMP3
U.FR.96.12634
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H P35
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M950
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

max HIV-1 similarity

Table of amino acid sequences for various HIV-1 strains, aligned with a reference sequence. The reference sequence is: IRYPKTFGLWLKLPVNVN5DEAQ...EDEEHYLMHPAQTSQWDDPGEVLAWKFDPTLAYTEAYVRYPEEF.GSKSGLEEEVRRRLT.ARGLLNM...ADKKETR*

normal Nef end

Table of amino acid sequences for various HIV-2/SIV proteins, aligned with a reference sequence. The reference sequence is: normal Nef end

VII

PLV Proteins

Contents

VII-1	Introduction	403
VII-2	Sequences	404
VII-3	Alignments	413
	VII-3.1 Gag	413
	VII-3.2 Pol	418
	VII-3.3 Vif	425
	VII-3.4 Vpx	428
	VII-3.5 Vpr	429
	VII-3.6 Tat	430
	VII-3.7 Rev	432
	VII-3.8 Vpu	434
	VII-3.9 Env	436
	VII-3.10Nef	443

VII-1 Introduction

The selection of Primate Lentivirus protein sequences for the following alignments was based on the sequences in the complete genome alignment as a starting alignment, and complete or nearly complete genes from other isolates were added if they increased the diversity of samples represented.

The annotation is mainly based on knowledge from HIV-1, and should therefore be taken with caution for HIV-2 and SIV sequences.

VII-2 Sequences

Sequences included in the PLV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Wong-Staal, F.	<i>Nature</i> 313 (6000):277-284 (1985)
H1A1.UG.85.U455_U455A	M62320	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Oram, J.D.	<i>ARHR</i> 6 (9):1073-1078 (1990)
H1C.ET.86.ETH2220	U46016	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Salminen, M.O.	<i>ARHR</i> 12 (14):1329-1339 (1996)
H1F1.BE.93.VI850	AF077336	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Laukkanen, T.	<i>Virology</i> 269 (1):95-104 (2000)
H1O.BE.87.ANT70	L20587	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vanden Haesevelde, M.	<i>J Virol</i> 68 (3):1586-1596 (1994)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gurtler, L.G.	<i>J Virol</i> 68 (3):1581-1585 (1994)
H1O.CM.98.98CMA105	AY169816	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMABB197	AY169811	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.SN.99.99SE_MP1299	AJ302646	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
H1O.US.99.99USTWLA	AY169814	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1N.CM.02.DJO0131	AY532635	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Bodelle, P.	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
H1N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H1N.CM.04.04CM_1131_03	DQ017383	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Simon, F.	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032-1037 (1998)
H1P.CM.06.U14788	HQ179987	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vallari, A.	<i>J Virol</i> 85 (3): 1403-7 (2011)
CPZ.CD.06.BF1167	JQ866001	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Li, Y.	<i>J Virol</i> 86 (19):10776-10791 (2012)
CPZ.CD.90.ANT	U42720	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vanden Haesevelde, M.M.	<i>Virology</i> 221 (2):346-350 (1996)
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Nerrienet, E.	<i>J Virol</i> 79 (2):1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.LB715	KP861923	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Barbian, H.J.	<i>MBio</i> 2015 Apr 21;6(2) pii: e00296-15 doi: 10.1128/mBio00296-15
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	EF535993	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Van Heuverswyn, F.	<i>Virology</i> 368 (1):155-171 (2007)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	DQ373063	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	EF535994	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Van Heuverswyn, F.	<i>Virology</i> 368 (1):155-171 (2007)
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	AF382828	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>ARHR</i> 20 (12):1377-1381 (2004)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
CPZ.TZ.00.TAN1	AF447763	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Santiago, M.L.	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	JQ768416	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Takehisa, J.	Unpublished
CPZ.TZ.09.UG38	JN091690	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Rudicell, R.S.	<i>J Virol</i> 85 (19): 9918-28 (2011)
CPZ.US.85.US_Marilyn	AF103818	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gao, F.	<i>Nature</i> 397 (6718):436-441 (1999)
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	FJ424871	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	FJ424866	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	FJ424863	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.12.SIVgor_BPID1	KP004989	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2	KP004991	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15	KP004990	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	D'arc, M.	<i>PNAS USA</i> 112 (11); E1343-52 (2015)
MAC.US.x.239	M33262	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
H2A.DE.x.BEN	M30502	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H2A.PT.x.ALI	AF082339	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
H2B.CI.x.EHO	U27200	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
H2B.GH.86.D205_ALT	X61240	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
H2G.CI.92.Abt96	AF208027	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
H2U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
H2U.FR.96.12034	AY530889	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
ASC.UG.10.RT03	KJ461716	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT08	KJ461715	Gag, Pol, Vif, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
ASC.UG.10.RT11	KJ461714	Gag, Pol, Vif, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 11 (1):55 (2014)
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 75 (2):857-866 (2001)
COL.UG.10.BWC01	KF214240	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
COL.UG.10.BWC07	KF214241	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Lauck, M.	<i>Retrovirology</i> 10 (1):107 (2013)
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	FJ919724	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Infect Genet Evol</i> 10 (3); 386-96 (2010)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
DRL.DE.11.D3	KM378563	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3); 353-7 (2015)
DRL.DE.11.D4	KM378564	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Dietrich, U.	<i>ARHR</i> 31 (3); 353-7 (2015)
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	M66437	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fomsgaard, A.	<i>Virology</i> 182 (1):397-402 (1991)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 76 (16):8298-8309 (2002)
LST.CD.88.SIVlhoest485	AF188115	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.CD.88.SIVlhoest524	AF188116	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 74 (8):3892-3898 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 73 (2):1036-1045 (1999)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	LC114462	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Carr, M.	<i>Arch Virol</i> 162 (2); 543-548 (2017)
MND-1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Tsujimoto, H.	<i>Nature</i> 341 (6242):539-541 (1989)
MND-2.CM.98.CM16	AF367411	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Takehisa, J.	<i>ARHR</i> 17 (12):1143-1154 (2001)
MND-2.GA.x.M14	AF328295	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Souquiere, S.	<i>J Virol</i> 75 (15):7086-7096 (2001)
MND-2.x.x.5440	AY159322	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hu, J.	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MON.CM.99.L1_99CML1	AY340701	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS-1.CM.01.CM1239	EF070330	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-2.CM.01.CM1246	EF070329	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-3.GA.09.09GabOI81	KF304707	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)
OLC.CI.97.97CI12	FM165200	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	HM803690	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	HM803689	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Ahuka-Mundeke, S.	<i>J Gen Virol</i> 2010 Dec;91(Pt 12):2959-64 doi: 101099/vir0025767-0 Epub 2010 Aug 25
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	AF382829	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SAB.SN.x.SAB1	U04005	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Jin, M.J.	<i>EMBO J</i> 13 (12):2935-2947 (1994)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.06.FTq	JX860414	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	JQ864086	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, B.E.	<i>J Virol</i> 73 (9):7734-7744 (1999)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Virol</i> 78 (14):7748-7762 (2004)
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	L06042	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, V.M.	<i>J Virol</i> 67 (3):1517-1528 (1993)
TAL.CM.00.266	AY655744	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	U58991	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Soares, M.A.	<i>Virology</i> 228 (2):394-399 (1997)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Johnson, P.R.	<i>J Virol</i> 64 (3):1086-1092 (1990)
VER.ZA.10.VSAC4004	KR862336	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
VER.ZA.10.VSAG1003	KR862363	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
VER.ZA.10.VSAM0022	KR862356	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bailey, A.L.	<i>J Virol</i> 2016 May 11 pii: JVI00573-16
WRC.CI.98.98CI04	AM713177	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F.	<i>J Virol</i> 83 (1):428-439 (2009)
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	AM937062	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Locatelli, S.	<i>Virology</i> 376 (1):90-100 (2008)
ASC.CD.13.SIVasc_13DRC_I8	KY497574	Tat, Rev	Ahuka-Mundeke, S.	<i>ARHR</i> 33 (7); 735-739 (2017)
H1B.US.90.WEAU160_GHOSH	U21135	Vpu	Wei, X.	<i>Nature</i> 422 (6929):307-312 (2003)
H1D.CD.84.84ZR085	U88822	Vpu	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (7):5680-5698 (1998)
H1G.SE.93.SE6165_G6165	AF061642	Vpu	Carr, J.K.	<i>Virology</i> 247 (1):22-31 (1998)
H1H.CF.90.056	AF005496	Vpu	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (7):5680-5698 (1998)
H1J.SE.93.SE9280_7887	AF082394	Vpu	Laukkanen, T.	<i>ARHR</i> 15 (3):293-297 (1999)
H1K.CM.96.96CM_MP535	AJ249239	Vpu	Triques, K.	<i>ARHR</i> 16 (2):139-151 (2000)
H101_AE.TH.90.CM240	U54771	Vpu	Carr, J.K.	<i>J Virol</i> 70 (9):5935-5943 (1996)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H102_AG.NG.x.IBNG	L39106	Vpu	Howard, T.M.	<i>ARHR</i> 10 (12):1755-1757 (1994)
H103_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Vpu	Liitsola, K.	<i>ARHR</i> 16 (11):1047-1053 (2000)
H104_cpx.CY.94.94CY032_3	AF049337	Vpu	Gao, F.	<i>J Virol</i> 72 (12):10234-10241 (1998)
H1O.CM.94.BCF06	AB485666	Vpu	Takekawa, N.	Unpublished
H1O.CM.96.96CMA102	AY169803	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.96.96CMABB009	AY169806	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.96.96CMABB637	AY169810	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.97.97CMABB447	AY169813	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.97.97CMABB497	AY169809	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMA104	AY169802	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMABB141	AY169807	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMABB212	AY169804	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMU2901	AY169812	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.98.98CMU5337	AY169808	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.99.99CMU4122	AY169815	Vpu	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 19 (11):979-988 (2003)
H1O.CM.x.pCMO2_3	AY618998	Vpu	Tebit, D.M.	<i>Virology</i> 326 (2):329-339 (2004)
H1O.CM.x.pCMO2_5	AY623602	Vpu	Tebit, D.M.	<i>Virology</i> 326 (2):329-339 (2004)
H1O.FR.92.VAU	AF407418	Vpu	Vartanian, J.P.	<i>J Gen Virol</i> 83 (Pt 4):801-805 (2002)
H1O.SN.99.99SE_MP1300	AJ302647	Vpu	Toure-Kane, C.	<i>ARHR</i> 17 (12):1211-1216 (2001)
H1O.US.x.I_2478B	AB485668	Vpu	Takekawa, N.	Unpublished
H1N.CM.02.SJGddd	GQ324959	Vpu	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
H1N.CM.06.U14296	GQ324962	Vpu	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
H1N.CM.06.U14842	GQ324958	Vpu	Vallari, A.	<i>ARHR</i> 26 (1):109-115 (2010)
H1N.CM.97.YBF106	AJ271370	Vpu	Roques, P.	<i>AIDS</i> 18 (10):1371-1381 (2004)
H1P.FR.06.RBF168	GQ328744	Vpu	Plantier, J.-C.	<i>Nat Med</i> 15 (8); 871-2 (2009)
CPZ.CM.05.LB715	JX178450	Vpu	Takehisa, J.	Unpublished
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505.c2	JN835460	Vpu	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Clin Invest</i> 122 (5):1644-1652 (2012)
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897.c2	JN835461	Vpu	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Clin Invest</i> 122 (5):1644-1652 (2012)
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145.c2	JN835462	Vpu	Bibollet-Ruche, F.	<i>J Clin Invest</i> 122 (5):1644-1652 (2012)
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Vpu	Keele, B.F.	<i>Science</i> 313 (5786):523-526 (2006)
CPZ.CM.98.CAM3	AF115393	Vpu	Corbet, S.	<i>J Virol</i> 74 (1):529-534 (2000)
CPZ.CM.98.CAM5	AJ271369	Vpu	Muller-Trutwin, M.C.	<i>J Med Primatol</i> 29 (3-4); 166-72 (2000)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Vpu	Huet, T.	<i>Nature</i> 345 (6273):356-359 (1990)
CPZ.TZ.01.TAN2	EF394357	Vpu	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 81 (14):7463-7475 (2007)
CPZ.TZ.02.TAN3_1	DQ374658	Vpu	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 81 (14):7463-7475 (2007)
CPZ.TZ.06.TAN5	JN091691	Vpu	Rudicell, R.S.	<i>J Virol</i> 85 (19); 9918-28 (2011)
GOR.CM.07.SIVgorCP2139_1con	FJ424864	Vpu	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
GOR.CM.07.SIVgorCP2139_2con	FJ424865	Vpu	Takehisa, J.	<i>J Virol</i> 83 (4):1635-1648 (2009)
DEN.CD.x.CD1_CMO580407	AJ580407	Vpu	Dazza, M.C.	<i>J Virol</i> 79 (13):8560-8571 (2005)
MON.NG.x.NG1	AJ549283	Vpu	Barlow, K.L.	<i>J Virol</i> 77 (12):6879-6888 (2003)
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085	AY340700	Vpu	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS-2.CM.01.CM2500	EF070331	Vpu	Aghokeng, A.F.	<i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS-3.GA.11.11GabPts02	KF304708	Vpu	Liegeois, F.	<i>Viruses</i> 6 (7):2880-2898 (2014)

H18.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455 U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1I.BE.93.V1850
H10.BE.87.AMT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA197
H10.CM.98.98CABB179
H10.SN.99.99SSE.MP1299
H10.US.99.99TJWLA
H1N.CM.02.DJ08131
H1N.CM.04.04CM.1015_04
H1N.CM.04.04CM.1131_03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.U1167
CPZ.CD.99.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.09.VITDA
EGGR.L.TDL.TAR.P
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139_287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BQID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15

MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2B.GH.86.D295.ALT
H2G.CI.92.Abt96
H2U.CI.07.07IC.TNP3
H2U.FR.96.12034
ASC.UG.10.RT83
ASC.UG.10.RT88
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC07
COL.UG.10.BWC07
V4.M4.99.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677_gri_1
GNS.CM.99.CN166
GNS.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVlhoest485
LST.CD.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MAL.ZM.99.SIVagMAL_ZMB
MND-1.GA.x.MNDGB1
MND-2.CM.98.CM16
MND-2.GA.x.M14
MND-2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1_99CML1
MUS-1.CM.01.CM1239
MUS-2.CM.01.CM1246
MUS-3.GA.09.09GAB0181
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGA1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.US.x.H9
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8
SMM.US.86.CFU212
SUN.GS.x.H9
SUN.GS.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVtanTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAM0822
WRC.CI.99.99C104
WRC.CM.05.Pbt_05GM_X02

p17_end_p24_start

QVSONYPIVQNTIQ.GOMVHQAISPRTLNNAWKKVKEKAFSPVIEPMFSALSEGATPDQLNLTMLNTVGGHQAAMQMLKETINEEAAEDWRVHPVH.AGPIAPGOMREPRGSDIAGTTSLQEOIGWMTN.....NPPIPVGEIYKRWIILGLNKIVMRYSPTSLLDROGP 289
S-----A-----P-----L-----D-----M-----V-----D-----L-----P-----V-----G-----D-----R-----V-----K----- 285
KD-----M-----P-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 287
AG-----S-----A-----I-----N-----I-----M-----I-----S-----Y-----I-----A-----I-----G-----L-----V-----V-----V-----L-----P-----P-----V-----A-----P-----D----- 288
T-----T-----A-----A-----N-----I-----M-----V-----Y-----I-----A-----I-----G-----L-----V-----V-----V-----L-----P-----P-----V-----A-----P-----D----- 288
TG-----T-----A-----H-----Q-----X-----L-----A-----N-----I-----M-----I-----Y-----I-----A-----I-----G-----L-----V-----V-----D-----D-----T-----P-----L-----P-----I-----T----- 288
T-----T-----A-----X-----A-----S-----L-----A-----N-----I-----M-----I-----Y-----I-----A-----I-----G-----L-----V-----V-----D-----T-----P-----L-----P-----I-----T----- 288
NI-----R-----L-----A-----I-----P-----L-----T-----I-----N-----M-----M-----S-----S-----S-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 294
NI-----R-----L-----A-----H-----P-----L-----T-----I-----N-----M-----M-----S-----S-----S-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 291
NI-----R-----L-----A-----I-----P-----L-----T-----I-----N-----M-----M-----S-----S-----S-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 291
NI-----R-----L-----T-----A-----I-----P-----L-----T-----I-----N-----M-----M-----S-----S-----S-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 291
T-----T-----GR-----FDAA-----Q-----PR-----P-----A-----N-----I-----M-----A-----I-----D-----I-----A-----G-----L-----V-----V-----D-----T-----P-----V-----L-----V-----L-----T-----G-----K-----T-----R-----N-----V-----D-----R-----K-----V-----L-----K-----C-----V-----K----- 282
GEGR-----LVDA-----G-----IAR-----P-----L-----C-----N-----N-----M-----A-----H-----H-----A-----D-----G-----V-----V-----D-----L-----T-----V-----QA-----L-----T-----V-----M-----O-----S-----T-----P-----Q-----G-----V-----D-----M-----V-----X-----V-----E-----K----- 308
GT-----G-----A-----TP-----A-----N-----M-----M-----L-----L-----V-----A-----G-----V-----R-----V-----M-----L-----T-----I-----M-----L-----T-----V-----A-----A-----A-----V-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 294
S-----R-----V-----A-----A-----P-----L-----M-----A-----N-----M-----M-----A-----V-----A-----I-----G-----V-----V-----L-----T-----G-----M-----P-----V-----L-----A-----A-----A-----V-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 286
SI-----R-----L-----A-----P-----L-----N-----M-----M-----M-----V-----V-----A-----I-----G-----V-----V-----L-----T-----G-----M-----P-----V-----L-----A-----A-----A-----V-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 286
SG-----R-----T-----A-----P-----L-----A-----A-----A-----I-----V-----Q-----L-----I-----M-----M-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 289
T-----R-----F-----A-----A-----P-----L-----M-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 287
R-----R-----F-----T-----A-----S-----L-----M-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 289
I-----R-----V-----A-----T-----S-----L-----M-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 291
C-----R-----VITDA-----VAR-----P-----S-----A-----G-----N-----M-----Y-----S-----A-----E-----G-----V-----L-----V-----A-----Q-----M-----L-----T-----A-----V-----P-----A-----O-----A-----G-----G-----D-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 315
EGGR-----L-----TDL-----TAR-----P-----R-----G-----N-----M-----Y-----S-----A-----E-----G-----V-----L-----V-----A-----Q-----M-----L-----T-----A-----V-----P-----A-----O-----A-----G-----G-----D-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 316
SG-----RL-----VITDM-----AAR-----P-----RT-----D-----G-----N-----I-----Y-----S-----A-----E-----G-----V-----L-----V-----A-----Q-----M-----L-----T-----A-----V-----P-----A-----O-----A-----G-----G-----D-----R-----V-----V-----V-----K-----C-----V-----K----- 309
IG-----S-----VI-----A-----M-----A-----N-----I-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 290
T-----T-----V-----T-----A-----P-----L-----A-----N-----I-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 281
T-----T-----V-----A-----A-----P-----L-----A-----N-----I-----M-----M-----I-----V-----V-----L-----I-----V-----P-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V-----V----- 281

p15_end_p27_start

GRGG-----VO-----IG-----NY-----L-----L-----LI-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----D-----IIRDI-----D-----LQ-----QP-----A-----QO-----L-----S-----SVD-----Q-----YR-----QON-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----VK----- 290
GKRG-----VO-----AG-----NY-----V-----PL-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----D-----IIR-----D-----SO-----IP-----L-----PA-----L-----D-----VD-----Q-----FR-----PON-----V-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 291
EOGG-----F-----VO-----VA-----NY-----T-----V-----PL-----D-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----D-----IIR-----I-----D-----VA-----IP-----L-----PA-----L-----VE-----Q-----FR-----PON-----V-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 291
GNGG-----F-----VO-----VA-----NY-----T-----V-----PL-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----D-----IIR-----I-----D-----VA-----IP-----L-----PA-----L-----VE-----Q-----FR-----PON-----V-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 291
RL-----A-----VO-----TA-----NS-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----D-----IIR-----I-----D-----VA-----IP-----L-----PA-----L-----VE-----Q-----FR-----PON-----V-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 296
GR-----VO-----LA-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----XO-----SP-----M-----P-----L-----D-----VE-----Q-----YR-----AON-----V-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 287
GRGG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----X-----LO-----QP-----PPA-----X-----T-----IE-----O-----THR-----QON-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----VK----- 291
GRRG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----ION-----OP-----L-----PA-----L-----VE-----Q-----YR-----QON-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----VK----- 291
GGRG-----VO-----IG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----TO-----NO-----PPA-----L-----VE-----Q-----YR-----PON-----N-----R-----Q-----Q-----C-----N-----N-----K----- 290
.....R-----A-----HO-----L-----I-----KT-----ITTT-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----OLM-----AI-----E-----G-----V-----LI-----DIV-----A-----L-----Q-----P-----A-----O-----P-----A-----N-----L-----Y-----S-----VS-----SI-----LE-----R-----AVD-----VN-----RK-----VM-----ORC-----K-----N-----VN----- 287
.....R-----A-----HO-----L-----I-----KT-----ITTT-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----OLM-----AI-----E-----G-----V-----LI-----DIV-----N-----L-----Q-----P-----A-----O-----P-----A-----N-----L-----Y-----S-----VS-----SI-----LE-----R-----AVD-----VN-----RK-----VM-----ORC-----K-----N-----VN----- 287
.....R-----A-----HO-----L-----I-----KT-----ITTT-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----OLM-----AI-----E-----G-----V-----LI-----DIV-----N-----L-----Q-----P-----A-----O-----P-----A-----N-----L-----Y-----S-----VS-----SI-----LE-----R-----TVD-----QVN-----RK-----VM-----ORC-----K-----N-----VN----- 281
.....LDM-----T-----GP0-----PV-----PL-----G-----G-----IAY-----M-----L-----L-----Y-----T-----IAY-----M-----L-----IDLT-----GFL-----V-----DE-----KK-----E-----Y-----L-----Q-----P-----Q-----Q-----A-----L-----Q-----TA-----T-----N-----SVA-----VA-----GE-----IAN-----RG-----VOS-----E-----VQIAR-----S-----V----- 284
.....KIDM-----NTP-----QGPA-----PL-----A-----C-----GG-----IASLA-----L-----Y-----T-----IAY-----M-----L-----IDLT-----GFL-----V-----DE-----KK-----E-----Y-----L-----Q-----P-----Q-----Q-----A-----L-----Q-----TA-----T-----N-----SVA-----VA-----GE-----AN-----RG-----VOS-----E-----VQIAR-----S-----V----- 284
KRQEM-----TGP-----QGMPL-----SPL-----A-----C-----GG-----IASLA-----L-----Y-----T-----IAY-----M-----L-----IDLT-----GFL-----V-----DE-----KK-----E-----Y-----L-----Q-----P-----Q-----Q-----A-----L-----Q-----TA-----T-----N-----SVA-----VA-----GE-----AN-----RG-----VOS-----E-----VQIAR-----S-----V----- 284
V-----R-----LRG-----Q-----F-----MPL-----IVKT-----INA-----K-----IV-----L-----OV-----A-----C-----Y-----I-----GL-----AI-----DL-----G-----II-----DV-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----N-----VE-----A-----RPAGGGGG-----D-----Q-----R-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 317
TP-----V-----LRG-----Q-----F-----MPL-----IVKT-----INA-----K-----IV-----L-----OV-----A-----C-----Y-----I-----GL-----AI-----DL-----G-----II-----DV-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----N-----VE-----A-----RPAGGGGG-----D-----Q-----R-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 317
NOPA-----F-----LRG-----Q-----F-----MPL-----IVKT-----INA-----K-----IV-----L-----OV-----A-----C-----Y-----I-----GL-----AI-----DL-----G-----II-----DV-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----N-----VE-----A-----RPAGGGGG-----D-----Q-----R-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 313
GR-----R-----OVVN-----Q-----A-----I-----K-----A-----V-----L-----CISY-----I-----Q-----AI-----D-----G-----L-----IV-----DI-----D-----R-----OV-----LPO-----VL-----N-----S-----SIE-----E-----TR-----AODS-----N-----A-----RQ-----VV-----ORC-----T-----N-----VN-----VK----- 292
GR-----R-----OVVN-----Q-----A-----I-----K-----A-----V-----L-----CISY-----I-----Q-----AI-----D-----G-----L-----IV-----DI-----D-----R-----OV-----LPO-----VL-----N-----S-----SIE-----E-----TR-----AODS-----N-----A-----RQ-----VV-----ORC-----T-----N-----VN-----VK----- 292
GE-----R-----V-----NON-----NAV-----PL-----SI-----RWGA-----V-----Q-----CISY-----V-----Q-----VI-----D-----G-----L-----I-----V-----D-----L-----R-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 296
V-----R-----A-----FO-----LNS-----V-----KT-----SI-----K-----A-----TVAL-----Q-----CI-----Y-----M-----O-----A-----DY-----G-----V-----II-----DV-----Q-----LL-----OPA-----PO-----VA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----AD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN-----G-----K----- 296
.....G-----LIREN-----QRW-----T-----P-----L-----IOT-----I-----DRGWK-----TVA-----T-----K-----L-----D-----V-----AI-----D-----V-----II-----DH-----V-----G-----T-----QO-----OPAOPG-----GL-----T-----NAT-----V-----VE-----LA-----T-----ADT-----VD-----K-----E-----V-----QAME-----V-----IHO-----V-----VM-----K----- 276
.....F-----LIREN-----QRW-----T-----P-----L-----IOT-----I-----DRGWK-----TVA-----T-----K-----L-----D-----V-----AI-----D-----V-----II-----DH-----V-----G-----T-----QO-----OPAOPG-----GL-----T-----NAT-----V-----VE-----LA-----T-----ADT-----VD-----K-----E-----V-----QAME-----V-----IHO-----V-----VM-----K----- 274
TGG-----LIREN-----QRW-----T-----P-----L-----IOT-----I-----DRGWK-----TVA-----T-----K-----L-----D-----V-----AI-----D-----G-----II-----DH-----V-----G-----T-----QO-----OPAOPG-----GL-----T-----NAT-----V-----VE-----LA-----T-----ADT-----VD-----K-----E-----V-----QAME-----V-----IHO-----V-----VM-----K----- 279
GO-----AO-----QG-----NAW-----VPL-----A-----K-----GA-----IV-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----N-----V-----LE-----I-----Y-----LA-----RVD-----A-----R-----Q-----C-----K-----N-----V-----K----- 298
GR-----K-----K-----QIN-----QTP-----G-----CI-----K-----IV-----I-----CL-----Y-----G-----AI-----D-----G-----L-----IV-----DV-----D-----L-----R-----OV-----LPO-----VL-----N-----T-----SIE-----E-----TR-----EQAVN-----G-----Q-----V-----Q-----C-----S-----N-----VN-----K----- 292
GR-----K-----K-----QIN-----QTP-----G-----CI-----K-----IV-----I-----CL-----Y-----G-----AI-----D-----G-----L-----IV-----DV-----D-----L-----R-----OV-----LPO-----VL-----N-----T-----SIE-----E-----TR-----EQAVN-----G-----Q-----V-----Q-----C-----S-----N-----VN-----K----- 292
VR-----K-----K-----QIN-----QTP-----G-----CI-----K-----IV-----I-----CL-----Y-----G-----AI-----D-----G-----L-----IV-----DV-----D-----L-----R-----OV-----LPO-----VL-----N-----T-----SIE-----E-----TR-----EQAVN-----G-----Q-----V-----Q-----C-----S-----N-----VN-----K----- 292
GKRG-----VO-----IG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 294
VP-----G-----V-----RTGG-----GFO-----VE-----L-----KT-----QT-----SI-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 294
.....A-----IR-----P-----FO-----SLNA-----I-----KT-----SI-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 287
SG-----VIRTA-----YO-----SL-----L-----KT-----SI-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
TT-----LIRTTN-----FO-----LE-----L-----KS-----ST-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 296
OLAM-----IR-----A-----TFE-----VPLAT-----OS-----L-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GORG-----ITIN-----Q-----PE-----P-----T-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GORG-----ITIN-----Q-----PE-----P-----T-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GORG-----ITIN-----Q-----PE-----P-----T-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GG-----R-----SVN-----N-----W-----PL-----I-----K-----A-----V-----A-----I-----Y-----I-----Q-----A-----E-----G-----L-----IV-----DV-----D-----L-----R-----PP-----Q-----P-----V-----D-----Q-----T-----E-----TR-----AONAVN-----N-----G-----Q-----C-----K-----N-----VN-----K----- 303
KGKG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
SG-----VIRTA-----YO-----SL-----L-----KT-----SI-----K-----A-----VAL-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GG-----VO-----VG-----NNY-----T-----P-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GRGG-----VO-----IG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 292
GRGG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GMKG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GRGG-----VO-----VG-----NY-----L-----L-----L-----K-----GA-----V-----G-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----C-----E-----IIR-----I-----D-----LQ-----QO-----Q-----PO-----L-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 291
GG-----F-----VOREG-----QNYL-----PL-----VOT-----I-----R-----GA-----IV-----Q-----CI-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 279
GG-----G-----LIR-----P-----N-----WI-----VGVNT-----KT-----EA-----MS-----K-----DASLV-----L-----OI-----T-----FI-----Y-----D-----AI-----D-----G-----VI-----DV-----GS-----LQ-----P-----A-----O-----P-----A-----N-----L-----Y-----S-----VS-----SI-----LE-----R-----AVD-----VN-----RK-----VM-----ORC-----K-----N-----VN----- 312
PR-----G-----LLR-----P-----N-----WI-----TGPVV-----KT-----EA-----MS-----K-----DASLV-----L-----OI-----T-----FI-----Y-----D-----AI-----D-----G-----VI-----DV-----GS-----LQ-----P-----A-----O-----P-----A-----N-----L-----Y-----S-----VS-----SI-----LE-----R-----AVD-----VN-----RK-----VM-----ORC-----K-----N-----VN----- 315
GOTG-----IR-----A-----Q-----YO-----L-----L-----KT-----IATI-----K-----A-----TVAL-----A-----CI-----Y-----I-----Q-----A-----E-----G-----L-----IV-----DI-----O-----S-----OM-----Q-----I-----PA-----L-----A-----PA-----VE-----T-----R-----AON-----VD-----A-----V-----M-----ORC-----K-----N-----VN-----VK----- 294
GH-----G-----IR-----A-----Q-----YO-----L-----L-----KT-----IATI-----K-----A-----TVAL-----A-----CI-----Y-----I-----Q-----A-----E-----G-----L-----IV-----DI-----O-----S-----OM-----Q-----I-----PA-----L-----A-----PA-----VE-----T-----R-----AON-----VD-----A-----V-----M-----ORC-----K-----N-----VN-----VK----- 294
TAN-----UG-----x-----SIVtanTAN1-----N-----W-----PL-----T-----R-----GA-----IV-----Q-----CISY-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 298
GG-----F-----AO-----QG-----NAW-----VPL-----A-----K-----GA-----IV-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 298
GO-----F-----VO-----QG-----NAW-----VPL-----A-----K-----GA-----IV-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 298
GR-----G-----VO-----QG-----NAW-----VPL-----A-----K-----GA-----IV-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 298
GR-----F-----VO-----QG-----NAW-----VPL-----A-----K-----GA-----IV-----Q-----C-----Y-----I-----Q-----VL-----D-----G-----L-----IV-----I-----N-----LQ-----PP-----L-----PA-----L-----D-----S-----A-----V-----PN-----E-----IR-----Q-----N-----VN-----SD-----RK-----V-----ORC-----K-----N-----VN----- 298
.....M-----VLR-----A-----OGP-----OWPL-----IOT-----HI-----DRG-----GA-----CV-----F-----TDR-----L-----TH-----I-----L-----NI-----D-----I-----V-----IV-----IT-----T-----PP-----V-----LP-----A-----N-----T-----V-----ASVEDELA-----LAQ-----Q-----DI-----A-----R-----Q-----V-----QI-----V-----K----- 274

	major homology region	p24 end_p2 start	p2 end_p7 start	Zn motif	
H18.FR.83.HXB2	KEPFRDYVDRFYKTLRAEQASQEVKNWMTETLLVQANPNDCDKILKALGPAATLEEMMTCACQGVGGPHKARVLAEAMSQVTVNS	... AT	... IMMQRGN	... FRNOR	... KLVKFCNCGKEGHTARNCRAPRKK
H1A1.UG.85.U455.U455A	F T D	S R G	QOT S	GP	RRI L K
H1C.ET.86.ETH2220	F T D D	R G S	N T	KS	KGPK RAI
H1I.BE.93.VI850	F V T D G D	0 S TG	S	KS	KGPK RAI
H10.BE.87.ANT70		0 S E V	S		IRKGT I
H10.CM.91.MVP5180		0 S E V	T KI	ASAQD LKGGY TAVF	0 P NRKGP I
H10.CM.98.98CMA105	V	0 S G S V	T	ATAQD LRGCC TAVF	0 GRKGP I
H10.CM.98.98CMA8197		0 S G S V	T	ATAQD LKGGY TSVF	0 P NRRGAI
H10.SN.99.99SE.MP1299		0 S G S V	T	AAAQD LKGGY TAVF	0 P SRKGP I
H10.US.99.99STWLA		0 S G S V	T	ASAQD LKGGY TAVF	0 GRKGP I
H1N.CM.02.DJ08131		0 S G S V	A	0 VFA GR	0 KGI RTIR
H1N.CM.04.04CM.1015.04		0 S S S	A	A AQ A ATS V FV	0 KGT RTI
H1N.CM.04.04CM.1131.03	V	0 GSS	A	TA AQ A ATS V FV	0 KGT RTI
H1N.CM.95.YBF30		0 QL G	A	0QP TTS VFA	0 KGI PI
H1P.CM.06.U14788		0 G L N	A	AAANQASQELKGG.V.TTFF.S	0 OR
CPZ.CD.06.BF1167		0 G L N	A	AAANQASQELKGG.V.TTFF.S	0 OR
CPZ.CD.90.ANT		0 G L N	A	ASAN.A.0GT.AVEL.G	N.GGK.RPL
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	K	M	T	TM.OSQ.ART.D.FF.K.P	.GATP.RKI.Y
CPZ.CM.05.LB715		N.R.G.S	A	ANAT.V	KGP.KRTI.Y
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943		N.R.G.S	A	0.TS.VFL	NGRPT.RKI
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	T	N.R.G.S	A	T.AQTA.TS.VF	0 KGI RTI
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7		S.R.G.S	A	ANAA	0 KGI RTI
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	S	S.R.G.S	S	AQH.N.DAKRQ	0 KGP R
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897		0 R G	A	ANTT.VM	VKI.K.R
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	V	0 R G	A	TOOT.S.F.AG	G.TPP.RR
CPZ.TZ.09.TG170		0 G L N	A	KT.ASA.PA.I.GG.VN.L.GK	R.KGI.KKGLQ
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	A	H	S	KT.ATA.T.VG.VN.L.GK	KPLR.KGLOL
CPZ.TZ.09.UG38		H	S	KT.ASANS.A.VGG.IN.L.GK	KP.L.KGLOL
CPZ.US.85.US.Marilyn		R G V	A	C.MK.P.S.SVFL.K	AKGPK.RKI
GOR.CM.04.SIVgorCP684con		0 G N	T	AAAHSD.LKGGY.AVF.K.GN	NOGI.KKGP
GOR.CM.07.SIVgor2139.287		0 G N	T	AAAHSD.LKGGY.AVF.K.GN	NOGI.KKGP
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con		0 G N	T	AAAHSD.LKGGY.AVF.K.GN	NOGI.KKGP
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1		0 G N	T	AAANQASQDLKGGY.TAVF	0 OR
GOR.CM.12.SIVgor.BOID2		0 S G I	T	AS.HD.LKGGY.TAVF	0 P NKRGP I
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15		0 G N	T	AAANQASQDLKGGY.TAVF	0 R
MAC.US.x.239	QS S TDAA 0 I LV G VNP L	0 LM LKEALAP	VPTP.FAAA.Q	GP	R.PI.W
H2A.DE.x.BEN	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEAMP	SPTP.FAAA.Q		R.AIRYW
H2A.PT.x.ALI	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEAMP	P.TP.FAAA.Q		RRTI.W
H2A.SN.86.ST.JSP4.27	QS S TDPA 0 I LV G INP L	0 LM LKEAMP	P.TP.FAAA.Q		RRTI.W
H2B.CI.x.EH0	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEALTP	S.NP.FAAA.Q	AG	KRT.T.W
H2B.GH.86.Q295.ALT	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEALTP	P.TP.FAAV.Q	AG	KRT.T.W
H2G.CI.92.Abt96	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEAL.P	TALP.FA.AAQQ	KTGG	KRSTI.W
H2U.CI.07.071C.TMP3	S QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEALAP	GLPL.FA.AVQQ	TGG	KKSMI.W
H2U.FR.96.12034	S QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKEALAP	MPTP.FA.AVQQ	GGP	RRP.R.W
ASC.UG.10.RT63	S K C D S T I E A M G S L	HY.TKL.ASAFO	KTGNYN.V.GPRGPKA	RRGPKM.P	NPR
ASC.UG.10.RT68	S K C D S T I E A M G S L	HY.TKL.ASAFO	KTGNYN.V.GPRGPKA	RRGPKM.P	NPR
ASC.UG.10.RT11	S K C D S T I E A M G S L	HY.TKL.ASAFO	KTGNYN.V.GPRGPKA	RRGPKM.P	NPR
COL.CM.x.CGU1	D KS SA P AG I A ANN I H E R G QKPS D LA	DY K Q FQEE R TN IE			V TA OGI L M PK PTG
COL.UG.10.BWC07	D KS TA P GS I O ANN I H E R G QKPS D LA	DY K Q FQEE R TN IE			V TA OGI L M PK PTG
COL.UG.10.BW01	D KS FSA P GG I O ANN I H E R G QKPS D LA	DY K Q FQEE R TN IE			V TA OGI L M PK PTG
MAL.ZM.04.SIVdeb04CMPF3061	K A P D T MI RI G QNP LH	00 LM VMSRE	GGG.LT.V.0R	GPGGP	RGRIR.Y
DEB.CM.99.CM40	K A P D T MI RI G QNP LH	00 LM ASALKE	AGS.LG.V.0RR	GPGGP	RROIR.QI
DEB.CM.99.CM5	K A P D T MI RI G QNP LH	00 LM ASALKE	AGS.LG.V.0RR	GGGGG	PRROLR.QI
DRL.DE.11.D3	K A HTDAA 0 I V G TNPS LL	M REQTTA	ON PP	GP	RGRGPPRRNP
DRL.DE.11.D4	K A HTDAA 0 I V G TNPS LL	M REQTTA	ON SL	GP	RGRGPPRRNP
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1	O A P D 0 I V G MNP LT	0 KLMV.M.NGO	N.V.V.PQ	GP	RGRGPPRRNP
GSN.CM.99.CN71	KE F C D A OL E L M G S L	T S S YN.V.RGPP	GRGKT	P.Y	OF L D PK KER
LST.CD.88.SIVLhoest485	KE A F A GG H E K KM RMVI EG S D K	A GKI ATAMQ QMR ON V V TPP	RNEQGRFVRTGGGPPR	PLT	P M O QE
LST.CD.88.SIVLhoest524	KE A F A GG H E K KM RMVI EG S D K	A GKI ATAMQ QMR ON V V TPP	RNAOGRFVRTGGGPPR	PLT	P S KM O QE
LST.KE.x.lho7	KE A F A GG H E K KM RMVI EG S D K	A GKI ATAMQ QMR ON V V TPP	RNAOGRFVRTGGGPPR	PLT	P M O QE
MND.1.GA.x.MNDGB1	A K NVM G M QOH IE E O RS KG LE	QY KLMV.M.QMGO	N.V.Q	GP	PPR
MND.2.CM.98.CM16	K A RTDPO T O I S G MNPS PL	KY QMM KEAQS	AV NSGGPP	G	PPRPPRRNP
MND.2.GA.x.M14	K A RTDPO T O I S G MNPS LL	KY QMM QKMQS	EV NSGGPP	G	PPRPPRRNP
MND.2.x.x.5440	K A RTDPO T O I AT G MNP LL	KY QMM Q AQA	V NSGGPP	G	PPRPPRRNP
MNE.US.x.MNE027	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 KLMV.LKEALAP	GLPL.FAAA.Q	GP	RGR
MON.CM.99.11.99CML1	K C TD A 0 I LV G MNP L	M S L V ARGPIAN	MPMN.N.V	ARGPPO	RK G
MUS.1.CM.01.CM1239	K C SD A S E L SM G LQ	A S LM ASALR	ONS QL N V G	ARGK.GSOGGP	GN
MUS.2.CM.01.CM1246	K C TD A QS E LV M G K LQ	M S LM TNALR	ON INT IN V	OSPRGVMGKRE	S
MUS.3.GA.09.09Gab0181	KE S F A G T K I GV V KPS L	AS L VDAF K	TGATA.V.AA	PIPR	GP MNR
RCM.CM.00.SIVag1.00C312	K A DPA QS I V G MNP L	L Y Q ANSA	I A MRGGQ	SGP	PRGGGKTR
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081	K A DPA QS I V G MNP L	0 QHANS	M A MRGQR	SGP	PRGGGERPVP
SAB.SN.x.SAB1	K A TDPA QS I V G MNP L	I AO LM LREAFOP	GLPL.FAAA.Q	GP	PRRSGGNPNLR
SMM.CI.79.SIVsmC12	QS S TDAA 0 I LV G MNP L	I 0 LM LREAFOP	GLPL.FAAA.Q	GP	PRRSGGNPNLR
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKDALTP	SLV.AAOF	AAKGO	GNKP.IR
SMM.US.06.FTQ	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKDALTP	SLV.AAOF	AAKGO	GNKP.IR
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8	QS S TDPA 0 I LV G MNP L	I 0 LM LKDALTP	SLV.AAOF	AAKGO	GNKP.IR
SMM.US.86.CFU212	S QS S TDPA 0 I LV G MNP L	0 LM LKDALTP	GLPL.FAAA.Q	GP	PRRSGGNPNLR
SUN.US.x.H9	T F A SG E E K KM LVI ETPS R	S GKI ASAFRR	QVG.RQA.ON.LPP	RNSQGRFVRI	GGGPPR.PMT
SYK.KE.x.KE51	T K HC DPA L OS I E RS MVK P LO	QY KL VMOHQ	G I GPROGSPN	R.GP	TR
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM	I K HC DPS G L O I E RS MVK P LO	L KLMV.VMAQQ	V N.V.GPSKG	SM	I Y QI MOKD.KK.L
TAL.CM.00.266	R K RC TD A 0 I E A M G LQ	0 S LM AEALK	QN QOV IA V	GGGGP.RGRGP	RN
TAL.CM.01.8023	R K RC TD A 0 I E A M G LQ	0 S LM AEALK	QN QOV IA V	GGGGP.RGRGP	RT
TAN.UG.x.SIVtanTAN1	K QA TP D 0 I LV G MNP L	0 KLMV.Q.MGV	N.V.AP	GR	GRGPPR.K
VER.KE.x.AGM155	K AI G 0 S I V G MHP L	QY KLMV.M.ONLQSO	N.V.O.GG	GR	PPPP
VER.ZA.10.VSAC4004	A K AI G 0 S I V G MHP L	QY KLMV.M.Q.L.O	NO N.V.O.TG	GP	GPKGPR
VER.ZA.10.VSAC1003	K AI G 0 S I V G MHP L	QY KLMV.M.MNQO	NO V.V.O.GN	PR	GKPP
VER.ZA.10.VSAM0822	K AI G 0 S I V G MHP L	QY KLMV.M.Q.LNQO	NO V.V.O.GG	PR	GKPP
WRC.CI.98.98104	D KT V 0 DK I 0 G QSP L	Y SKIM.Q.LEAL	OSQ A.V.QQ	AVK	RGPLR
WRC.CM.05.Pbt.05GM.X02	D KS F V GVP Q DK I 0 G QSP L	Y SKIM.Q.LEAL	OSQ A.V.QQ	AVK	RGPLR

	Zn motif	p7 end_p1 start	p1 end_p6 start	Vpr binding			
H1B.FR.83.HXB2	GCWCKGKEGHQMKDCT	ERQANFLGK1WPS	YKGRPNFLQSRP	PTAPP	EESFRSGVETT	TPPOKQE	PIDKELYPLT
H1A1.UG.85.U455.U455A		RL	N		A-I-GM-EKM	S-AKQE	LK-R-OT-VS
H1C.ET.86.ETH2220					M-EVK-Q-E	PS-KQE	LK-R-ALTSLK
H1F1.BE.93.VI850	R	GK	Y-P		A-GFRE-I	PA-KQE	QK-G
H1D.BE.87.AMT70		RN	GGT	YV-RPAH	M-EVK-Q-E	NOE-GGP-NE	FA
H10.CM.91.MVP5180		KN	GGT	YV-KQVS	M-EVKE-I	M-EVKE-I	FA
H10.CM.98.98CMA105		KN	GGT	YV-KQVH	M-EETK-Q-E	SOE-GSP-NE	FA
H10.CM.98.98CMA187		KN	GGT	YV-KQVPPAT	M-EMK-Q-NR	EON-P-NE	FA
H10.SN.99.99SSE.MP1299		KN	GGT	YA-ROVS	M-TEEM-Q-E	NOE-EDQ-NE	FA
H10.US.99.99ATWLA		KN	GGT	YV-KQMPPA	M-EVKE-Q-E	NON-GECS-NE	FA
H1N.CM.02.GJ08131		KN	EG	G-SP	L-NYG-QE-RS	OGKEROE-NTEN	S-PLT
H1N.CM.04.04CM.1015.04		KN	EG	G-SP	L-YG-QE-GS	OGKEMQE-NOEK	TENS-PLT
H1N.CM.04.04CM.1131.03		KN	EG	G-SP	L-YG-QE-RS	ORKEOE-NOEK	TENT-PLT
H1N.CM.95.YBF30		KN	EG	G-SP	L-YGFOE-KS	OGKEMQE-NOER	TENS-PLT
H1P.CM.96.U14788		KS	G	GGC	M-EEFTQ-N	KQXEEK-D-EKE	A
CPZ.CM.06.RA1167		L	KS	GGC	OTGKLEK-EP	SA-PME-V-NHW	NSKDF
CPZ.CM.09.ANT	R	L-N-PAT	NTGKV	PT-T	E	I-IYOEHR-OK	P-SY
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13		G-V	S	RS	A-VYOEHR-OK	GLKQEE	NR-PLT
CPZ.CM.05.LB715		R-Q	KLS	KV	L-NS	P-EP	EKES-PLT
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943		I	A	GD	G-SP	WSGGSK	G-K
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505		R	S	G	V-L	S	P-TTT-RK
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7		R-Q	NM	GK-V	L	SQ	P-EP
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66		RN	N	S	K	EP	S
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897		Q-N	PD	MOR	P	R	K-EPP
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2		ON	EG	V	GG	RS	P-RKV
CPZ.TZ.09.TAN11	R	TRN	NTGKV	RT	LMGC	V-N	N
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	R	ARTNNTG	RT	LMGC	V-N	N	
CPZ.TZ.09.UG38	R	GR	PNNSGV	RT	LMGC	V-N	T
CPZ.US.85.US.Marilyn		AG	N	H-SPWSGGSK	EN	K	
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	OD	RS	G	YV	QVQ		
GOR.CM.07.SIVgor2139.287	OD	RS	G	YV	QVQ		
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	OD	RS	G	YV	QVQ		
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1		K	SG	YX	QVQ		
GOR.CM.12.SIVgor.BQID2		K	NG	Y	L	GGT	YV-QVQ
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15		K	IGK	Y	L	GGK	YV-QVQ

		p8 end_p1 start	p1 end_p6 start	PTAPP motif		PSAP in HIV-2 B. U	
MAC.US.x.239		MD-V-AK-P	D-G	LGP	WG-K-R	PMAQVHGL	M
H2A.DE.x.BEN		P-I-AN-P	G	LGP	RG-K-R	PVTOAPOGL	I
H2A.PT.x.ALI		P-L-AN-P	G	LGP	WG-K-R	PVT-VPOGL	T
H2A.SN.86.ST.JSP4.27		A-I-AK-P	G	LGP	WG-K-R	PVAOIPQGL	T
H2B.CI.x.EH0		Q-I-SK-P	G	FGP	WG-K-R	P-VQAPQGL	V
H2B.GH.86.D295.ALT		I-SK-P	G	LGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
H2C.CI.92.Abt96		P-I-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
H2U.CI.07.071C.TMP3		P-I-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
H2U.FR.96.12034		E-P-N-AS-P	G	FGP	WG-K-R	PMAQVPOGL	T
ASC.UG.10.RT83	K-F	R-MARO-RAS	EGAQGG	AFLDKHLGRPKG	R-PVVO		S-LTLOAD
ASC.UG.10.RT88	K-F	R-MARO-RAS	EGAQGG	AFLDKHLGRPKG	R-PVVO		S-LTLOAD
ASC.UG.10.RT11	K-F	R-MARO-RAS	EGAQGG	AFLDKHLGRPKG	R-PVVO		S-LTLOAD
COL.CM.x.CGU1	RGAPRRP	VR-FT-NQ-MOR-P	NK	ATRGVELOT			ATF-A
COL.UG.10.BWC07	FG	QL-IOR-Q	NK	AGRGIDLQ			ATF-A
COL.UG.10.BW01	FG	QL-IOAT-P	NK	AGRGIDLQ			ATF-A
COL.UG.04.SIVdeb04CMPF3061	R	QDT-MA-N-P	KAAPFSKN	KLP	WGRRA	IEQHQH	WGICQY-EG
DEB.CM.99.CM40	K-F	Q-IA-N-G	QTPR	NTP	WASR	R-E	GIGKYI-EST
DEB.CM.99.CM5	K-F	Q-IA-N-G	QVPR	NAP	WASR	R-E	GIGKYI-EST
DRL.DE.11.D3	FR	ALD-MLRN	PK-V	NTP	WGS-K-R	P-ASL	T-S-LPGY
DRL.DE.11.D4	FR	ALD-MLRN	PK-V	NTP	WGS-K-R	P-ASL	T-S-MPGF
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1	K-F	I-MA-K	NG	YGH	WGGAK	R-V-Y-GDTVG	LE
GSN.CM.99.CN16	K-F	RA-FS-P-RTG	TPAKELY	D	LG-RGRR	A-R-PVTS	LL-S-AEEV
GSN.CM.99.CN71	K-F	A-LARO-KTG	TPAKEL	D	LG-RGRR	A-R-PVTS	LL-S-AEEV
LST.CD.88.SIVLhoest485	N	SKE-RFAQ-PKP	KGKV	YGP	WRN-P	PLMGGNAG	VV-S
LST.CD.88.SIVLhoest524	N	AKD-R-AQ-PKP	KGKV	YGP	WRN-PS	PTMGGAG	VV-S
LST.KE.x.lho7	N	SKE-RFAQ-P	KPKGVK	YGP	WSSKP	YPLGGAG	RI-S
MAL.ZM.99.SIVagmMAL.ZMB	K-F	I-MA-K	G-V	YGR	WMGTR	K-AAT-GEPR	T-S
MND-1.GA.x.MNDGB1	F	DL-I-RN-P	KMV	NTP	WGS-K-R	PAMPL	T-S-MPG
MND-2.CM.98.CM16	F	DL-M-RN-P	KMV	NAP	WGS-K-R	PAMPL	T-S-MPG
MND-2.GA.x.M14	F	DP-L-RN-P	PKMV	NTP	WGS-K-R	PAMPL	T-S-MPG
MND-2.x.x.5440	F	DP-L-RN-P	PKMV	NTP	WGS-K-R	PAMPL	T-S-MPG
MNE.US.x.MNE027	QH	V-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMAQVHGL	T
MON.CM.99.L1.99CML1	K	YN-OP-LA-P	POPP	KONKGV	N-F	GP-KG-R-PLTS	VQ-S-TLPA
MUS-1.CM.01.CM1239	K-F	R-LA-O-RSE	GAKS	NTP	WGS-K-R	PAMPL	T-S-MPG
MUS-2.CM.01.CM1246	R-F	LARO-RD	TGCSAV	KDLGFRSRK	R-PVTS		LL-EQ
MUS-3.GA.99.09gab0181	K-F	R-MA-O-N	TSTGRV	NP	FGPO	RG-R	PVTO
RCM.CM.00.SIVag1.00CM312	T-Y	P-IA-N-RV	GG000Q5KV	KWR	GGKAEPPLNMOORTE		MDIF-S-T
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM8081	D	D-L	K-V	SAP	WSR-K-R	PLTSL	T-S-GVEQDNHA
RCM.GA.x.SIVRCM8AB1	SPD	LL	K-I	RLP	WGO-K-R	PLTSL	T-S-GMES
SAB.SN.x.SAB1	SPD	LL	K-V	FGP	WGR-K-R	PLTSL	R
SMM.CI.79.SIVsmCT2	S	V-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
SMM.CI.92.SIVsmSL92A	R	F-T-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
SMM.SL.92.SL92B	E	RIOAN-P	NQK	G	LGP	WG-K-R	PMTQVPOGL
SMM.US.06.FTq	M	I-AK-P	VG	FGP	WG-K-R	PMTQVPOGL	T
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8	G	T-V-AK-P	G	LGP	WG-K-R	PMAQVHGL	T
SMM.US.86.CFU212	M	V-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMAQVHGL	T
SMM.US.x.H9	A	V-AK-P	G	FGP	WG-K-R	PMAQVHGL	T
SUN.GM.x.14	M	KOAO-P	QK-V	LGP	WG-K-R	PVM	T-S
SYK.KE.x.KE51	K-FN	GT-IARO	ROPKRGONPPP	G	WG-NRKP-A	PVM-E	T
SYK.KE.x.SYK173.COMGMM	K-FN	T-LARA	ROPKRGONPPP	G	WGVSRP-A	PVRSE	T
TAL.CM.00.266	PPGT	Y-I-A-O-S	SA	S	FLGKIPVVRG	R-PVVO	S
TAL.CM.01.8023	PPGS	F-QM-RAAQ-R	QP	A	FLGKIPVVRG	R-PVVO	S
TAN.UG.x.SIVTAN1	K-L	P-LA-R	SG	RMP	TWGT-K-R	EGGAV	S
VER.KE.x.AGM155	K-L	P-LA-R	G-V	YGR	WMGTR	PAATLGA	S
VER.ZA.10.VSAC4004	K-F	T-MA-R	G-V	YGR	WMGSK-R	AATAGEEDR	TS
VER.ZA.10.VSAG1003	K-L	P-MA-R	G-V	YGR	WMGSK-R	AAT-GEEDR	T
VER.ZA.10.VSAM0822	R-L	P-MA-R	G-V	YGR	WAGSK-R	AAT-GEEDN	F
WRC.CI.99.99T04	RGQPT	G-ET-VOR-N	KSR	T	NGR	GOMPSN	YPVQKMLNFGPATT
WRC.GM.05.Pdt.05GM.X02	GPPT	G-T-IQ-N-P	ETR	V	NGR	GORPSN	YPVQKMLNFGP.VV

Draft of 25 June 2018, not for public release
p1vprot_main.tex f10514-12210

Vpr binding
 p6 end, Gag end
 H1B.FR.83.HXB2SLR.SLFGNDPSS..0*
 H1A1.UG.85.U455.U455ALK.....L.....
 H1C.ET.86.ETH2220HLL.....
 H1F1.BE.93.VI850SLK.....
 H10.BE.87.ANT70K.....T.....
 H10.CM.91.MVP5180K.....T.....
 H10.CM.98.98CMA105K.....T.....
 H10.CM.98.98CMAB197K.....T.....
 H10.SN.99.99SE.MP1299K.....T.....
 H10.US.99.99USTWLAK.....XT.....
 H1N.CM.02.DJ00131L.....
 H1N.CM.04.04CM.1015_04L.....
 H1N.CM.04.04CM.1131_03L.....
 H1N.CM.95.YBF30K.....T.....
 H1P.CM.06.U14788K.....I.....S.....
 CPZ.CM.06.SF1167K.....K.....
 CPZ.CD.90.ANTK.....K.....
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13K.....S.....
 CPZ.CM.05.LB715K.....S.....0.....
 CPZ.CM.05.SIVcpzDP943K.....S.....L.....E.....
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505K.....S.....L.....
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7K.....L.....
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66K.....L.....
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB897K.....L.....Q0E.....
 CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2K.....S.....
 CPZ.TZ.00.TAN1K.....T.....S.....
 CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13K.....T.....S.....
 CPZ.TZ.09.UG38K.....I.....S.....
 CPZ.US.85.US.MarilynK.....S.....E.....
 GOR.CM.04.SIVgorCP684conK.....T.....
 GOR.CM.07.SIVgor2139_287K.....T.....
 GOR.CM.07.SIVgorCP2135conK.....T.....
 GOR.CM.12.SIVgor_BP1D1K.....T.....
 GOR.CM.12.SIVgor_BQ1D2K.....T.....
 GOR.CM.13.SIVgor_BP1D5K.....T.....

500
494
505
499
499
499
500
498
499
513
512
512
513
493
529
523
507
501
507
512
504
500
510
508
525
525
515
506
490
490
490
493
499
491

p6 end
 Gag end
 MAC.US.x.239EDLLH-N....G.....
 H2A.DE.x.BENLLHLEORETPHREETEDLLH-N..K.....
 H2A.PT.x.ALILLHLEOGETPHKVEYTEDLLH-N..K.....
 H2A.SN.86.ST.JSP4_27FLQLEKQETPCRETEDLLH-N..K.....
 H2B.CI.x.EH0EDLLH-N..E.....
 H2B.GH.86.D205.ALTEDLLH-N..E.....
 H2G.CI.92.Abt96EXLLH-S..D.....
 H2U.CI.07.07IC.TNP3EDLLH-N..D.....
 H2U.FR.96.12034EDLLH-N..D.....
 ASC.UG.10.RT03D.....
 ASC.UG.10.RT08D.....
 ASC.UG.10.RT11D.....
 COL.CM.x.CGU1D.....
 COL.UG.10.BWC01D.....0.S.....
 COL.UG.10.BWC07E.....LL.GQM.....
 DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061DLSQ.K.....E.....
 DEB.CM.99.CM40DLMG.K.....E.....
 DEB.CM.99.CM5DLMG.K.....E.....
 DRL.DE.11.D3N.....S.....S.....QL.....
 DRL.DE.11.D4N.....S.....S.....QL.....
 GRV.ET.x.GRI.677_gri_1VED.V..S.....g.....
 GSN.CM.99.CN166E.....
 GSN.CM.99.CN71E.....
 LST.CD.88.SIVlhoest485VDEPC-SFFF-PD.....
 LST.CD.88.SIVlhoest524VDEPC-NFFF-PD.....
 LST.KE.x.lho7VDEPC-N..PD.....
 MAL.ZM.09.SIVagmMAL_ZMBWED.Y..N..EG.....
 MND-1.GA.x.MNDGB1EDFH..ST..QE.....
 MND-2.CM.98.CM16N.....S.....T.....QL.....
 MND-2.GA.x.M14N.....S.....T.....QL.....
 MND-2.x.x.5440N.....S.....T.....QL.....
 MNE.US.x.MNE027EDLLH-N..E.....
 MON.CM.99.L1.99CML1A.....E.....
 MUS-1.CM.01.CM1239OD..LE..K.....
 MUS-2.CM.01.CM1246D..Q..K.....
 MUS-3.GA.09.09GabO181D..Q..E.....
 OLC.CI.97.07C112PLYPPLA.....E.....
 RCM.CM.00.SIVag1_00CM312S..N.....
 RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081A..N..S.....
 RCM.GA.x.SIVRCMGAB1T..N..S..QL.....
 SAB.SN.x.SAB1S.....F.....
 SMM.CI.79.SIVsmCI2EDLLHLN.....D.....
 SMM.SL.92.SIVsmSL92AEDLLH-N..E.....
 SMM.SL.92.SL92BEDLLH-N..E.....
 SMM.US.06.FTqEDLLH-S..E.....
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL8EDLLH-N..E.....
 SMM.US.86.CFU212EDLLH-N..D.....
 SMM.US.x.H9EDLLH-N..E.....
 SUN.GA.98.L14CQEPC-N.M.-PE.....P.....
 SYK.KE.x.KE51D.....
 SYK.KE.x.SYK173_COMGNME.....
 TAL.CM.00.266D.....
 TAL.CM.01.8023D.....
 TAN.UG.x.SIVagmTAN1LED.Y..S.....
 VER.KE.x.AGM155WNEGY..N..E.....
 VER.ZA.10.VSAC4004WED.Y..S.....G.....L.....
 VER.ZA.10.VSAG1003WED.Y..K.....G.....
 VER.ZA.10.VSAM0022WED.Y..G.....
 WRC.CI.98.98C104GLPEWPSLK.....E.....
 WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02VEYPSLK.....EP.....

511
522
522
522
520
522
510
510
522
517
520
520
483
492
494
545
536
533
522
522
514
513
511
513
512
516
518
503
518
519
519
507
511
506
517
514
481
518
524
519
555
519
507
508
514
508
509
508
522
562
555
528
532
524
521
525
523
524
514
503

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H18.FR.83.HXB2), protease end_p66_p51 RT start, M41L, K70R D67N, and D110 catalytic site. It shows amino acid alignments for various HIV strains.

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239), protease end_p51 RT start, and D catalytic site. It shows amino acid alignments for various HIV strains.

H18_FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455 U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H1G1.BE.87.ANT70
H10_CM.91.MVP5180
H10_CM.98.98CMA105
H10_CM.98.98CMA8197
H10_CM.98.98CMA8197
H10_SN.99.99SME MP1299
H10_US.99.99STWLA
H1N_CM.02.DJ08131
H1N_CM.04.04CM 1015 04
H1N_CM.04.04CM 1131 03
H1N_CM.95.YBF30
H1P_CM.06.U14788
CPZ_CM.06.BF1167
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ_CM.05.LB715
CPZ_CM.05.SIVcpzDP943
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66
CPZ_CM.05.SIVcpzMB897
CPZ_GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ_TZ.09.TAN70
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ_TZ.09.UG38
CPZ_US.85.US Marilyn
GOR_CM.04.SIVgorCP684con
GOR_CM.07.SIVgor2139 287
GOR_CM.07.SIVgorCP2135con
GOR_CM.12.SIVgor BPID1
GOR_CM.12.SIVgor BQID2
GOR_CM.13.SIVgor BPID15

LTEEAELAELENREILKEPVHGVYDPSKDLIAEIQKOGOWTQIYQEP. FKNLTKGYARMGAHTNDVKQLTEAVQKITTESIVWIKTP. FKFLPIQKQETWETWTEYQWATWPEWVFNTPLVLKLYOLEKEPTVGAETFYVDGAANRETLKAGVYVNRG
-----D-----V-----ND-----F-----F-----K-----S-----V-----VS-----I-----R-----A-----M-----D-----A-----V-----I-----D-----
-A-----K-----R-----Q-----D-----D-----WVN-----E-----N-----E-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----I-----L-----RSP-----L-----D-----D-----A-----V-----S-----K-----DK-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----A-----L-----R-----VTR-----AD-----S-----I-----R-----S-----M-----Y-----D-----S-----E-----E-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----X-----WVD-----E-----DK-----Y-----T-----OKAS-----IR-----A-----VL-----VSO-----A-----L-----L-----R-----VTR-----I-----A-----AD-----S-----I-----R-----S-----M-----Y-----D-----S-----E-----E-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----TE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----A-----L-----L-----R-----VTR-----V-----A-----AD-----S-----I-----R-----S-----M-----Y-----D-----S-----E-----E-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----W-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VL-----RVSO-----A-----I-----L-----L-----R-----VTR-----AD-----S-----I-----S-----M-----Y-----D-----S-----E-----E-----
-F-----K-----R-----L-----G-----E-----S-----V-----DE-----V-----K-----S-----I-----V-----V-----VA-----G-----X-----I-----V-----V-----V-----A-----DN-----I-----T-----T-----Y-----K-----F-----D-----
F-----K-----R-----L-----G-----E-----S-----S-----#-----K-----K-----S-----I-----V-----VA-----I-----V-----V-----V-----A-----N-----I-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----
F-----G-----L-----G-----E-----V-----S-----H-----K-----S-----I-----V-----VA-----I-----V-----V-----V-----A-----N-----P-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----
F-----R-----K-----Q-----T-----Q-----E-----VD-----A-----VF-----E-----H-----K-----S-----I-----V-----R-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----DH-----S-----I-----D-----S-----T-----
-A-----K-----K-----Q-----T-----Q-----E-----VD-----A-----VF-----E-----H-----K-----S-----I-----V-----R-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----DH-----S-----I-----D-----S-----T-----
-M-----R-----E-----K-----Q-----T-----Q-----E-----VD-----A-----VF-----E-----H-----K-----S-----I-----V-----R-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----DH-----S-----I-----D-----S-----T-----
-P-----P-----V-----ST-----N-----D-----E-----V-----E-----F-----Q-----HR-----O-----ST-----IR-----A-----VI-----AV-----R-----V-----S-----A-----N-----I-----S-----TD-----PT-----D-----Y-----K-----I-----DK-----
-K-----K-----AN-----L-----E-----V-----S-----F-----Q-----H-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----D-----Y-----T-----D-----K-----
M-----O-----M-----E-----D-----A-----N-----D-----E-----V-----NS-----F-----Q-----H-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----D-----Y-----T-----D-----K-----
F-----R-----N-----A-----A-----V-----S-----F-----Q-----Y-----V-----AL-----V-----R-----R-----A-----D-----D-----Y-----SH-----F-----O-----P-----
F-----T-----A-----A-----V-----S-----F-----Q-----Y-----V-----AL-----V-----R-----R-----A-----D-----D-----Y-----SH-----F-----O-----P-----
-O-----RD-----A-----E-----V-----NN-----F-----T-----GR-----K-----A-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----D-----D-----Y-----R-----
M-----R-----K-----K-----Q-----A-----K-----L-----Q-----A-----E-----G-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----D-----D-----Y-----R-----
-R-----R-----K-----K-----Q-----A-----K-----L-----Q-----A-----E-----G-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----D-----D-----Y-----R-----
M-----R-----K-----K-----Q-----A-----K-----L-----Q-----A-----E-----G-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----D-----D-----Y-----R-----
F-----H-----M-----K-----K-----Q-----A-----K-----L-----Q-----A-----E-----G-----K-----S-----I-----V-----VA-----L-----R-----V-----V-----A-----D-----D-----Y-----R-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----I-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----I-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----
-SK-----F-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----I-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----
F-----R-----E-----K-----R-----O-----Q-----D-----WVN-----E-----V-----DE-----H-----T-----OKAS-----IR-----A-----VI-----VSO-----L-----R-----V-----V-----A-----N-----I-----T-----S-----Y-----K-----F-----D-----

MAC_US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A_SN.86.ST JSP4 27
H2B_CI.x.EH0
H2B_GH.86.D295 ALT
H2G_CI.97.07196
H2U_CI.92.ABTIC TMP3
H2U_FR.96.12034
ASC_UC.10.RT83
ASC_UC.10.RT88
ASC_UC.10.RT11
COL_CM.x.CGU1
COL_UC.10.BWC07
COL_UC.10.BWC07
SML_ZM.99.SIVagmB04CMPF3061
DEB_CM.99.CM40
DEB_CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV_ET.x.GRI 677 gri 1
GSM_CM.99.CN166
GSM_CM.99.CN71
LST_CD.88.SIVlhoest485
LST_CD.88.SIVlhoest524
LST_KE.x.lho7
MML_ZM.99.SIVagmMAL_ZMB
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE_US.x.MNE027
MON_CM.99.L1 99CML1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_3.GA.99.09gab0181
OLC_CI.97.0912
RCM_CM.00.SIVag1 00C312
RCM_CM.02.SIVrcm 02CM8081
RCM_GA.x.SIVRCMGAB1
SAB_SN.x.SAB1
SMM_CI.79.SIVsmC12
TAN_UC.x.SIVtanS192A
SMM_SL.92.SL92B
SMM_US.06.FtQ
SMM_US.11.SIVsmE660 FL8
SMM_US.86.CFU212
SMM_US.x.H9
SUN_GA.99.L14
SYK_KE.x.KE51
SYK_KE.x.SYK173 COMGNM
TAL_CM.00.266
TAL_CM.01.8023
TAN_UC.x.SIVtanTAN1
VER_KE.x.AGM155
VER_ZA.10.VSAC4004
VER_ZA.10.VSAG1003
VER_ZA.10.VSAMB022
WRC_CI.98.98M04
WRC_CM.05.Pbt_05GM_X02

W-M-A-YE-KI-SOEOE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV-H-VE-DV-Q-D-V-D-D-DS-R-VFN-V-D-E-Y-T-SC-KOS-E-I-D-628
W-L-A-E-KI-SOEOE-Y-OEE-E-E-T-SOGH-K-H-E-I-V-KIKNT-G-RL-AQV-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-TFN-VGD-E-Y-T-SC-OS-E-D-641
W-L-A-E-KI-SOEOE-H-OEE-E-E-TV-DODN-K-H-GE-I-VE-K-KNT-G-RL-AQV-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-AFN-V-D-L-PC-OS-E-I-D-641
W-L-A-E-KI-SOEOE-C-OEE-E-E-TV-DODN-K-H-GE-I-V-KVNT-G-RL-AQV-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-DS-R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-KOSRE-I-D-641
H2B_CI.x.EH0
W-L-A-FQ-KI-SOEOE-C-OEE-E-E-TV-NLAN-K-H-GD-I-V-KVNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-DS-R-AFN-V-D-L-E-Y-T-SC-KAS-E-D-640
H2B_GH.86.D295 ALT
W-L-A-Q-KI-SOEOE-C-OEE-E-E-TV-NLAN-K-H-GD-I-V-KVNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-DS-R-AFN-V-D-L-E-Y-T-SC-KAS-E-D-640
H2G_CI.97.07196
W-L-A-Q-KI-SOEOE-A-KEPEP-E-TV-NLDN-KVH-GN-RI-V-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-H-R-V-N-V-LEOT-Y-T-SC-KTS-E-D-624
H2U_CI.92.ABTIC TMP3
W-L-A-Q-KI-SOEOE-T-REPEP-E-TV-NLDN-K-H-GN-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-A-N-V-LERV-Y-T-SC-NS-E-D-624
H2U_FR.96.12034
W-M-A-F-KI-SOEOE-A-REPEP-E-TV-NODN-K-H-GD-RT-F-KVNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-DS-R-A-N-V-LL-E-Y-T-SC-AS-Q-D-637
ASC_UC.10.RT83
W-T-QA-DQEA-K-AE-EVD-IOL-GT-G-TVR-DK-EV-F-KO-S-PF-VQ-DM-GK-L-Y-RI-O-NV-VN-Q-DA-N-H-VS-DIKP-H-LOM-VOD-PE-W-I-S-D-626
ASC_UC.10.RT88
W-T-V-QA-DQEA-K-AE-EVD-IOL-GT-G-TVR-DK-EV-F-KO-S-PF-VQ-DM-GK-L-Y-RI-O-NV-VN-Q-DA-N-H-VS-DIKP-H-LOM-VOD-PE-W-I-S-D-626
ASC_UC.10.RT11
V-T-QA-DQEA-K-AE-EVD-IOL-GT-G-TVR-DK-EV-F-KO-S-PF-VQ-DM-GK-L-Y-RI-O-NV-VN-Q-DA-N-H-VS-DIKP-H-LOM-VOD-PE-W-I-S-D-626
COL_CM.x.CGU1
-SA-E-QD-KO-I-E-Q-I-HE-IWVD-FRL-K-G-AV-KH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-ATVI-GR-A-T-V-MV-AKR-D-Q-SD-SA-I-SSSV-VNM-VL-LKE-P-YMT-GCS-KLGA-WINSK-397
COL_UC.10.BWC07
-SQ-E-EQ-E-KK-V-EOK-R-EE-EMW-FRL-K-G-AV-KH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-ATVI-GR-A-T-V-MV-AKR-D-Q-SD-SA-I-SSSV-VNM-VL-LKE-P-YMT-GCS-KLGA-WINSK-399
COL_UC.10.BWC07
-SQ-E-EQ-E-Q-E-EQ-E-E-EETIWT-FRL-K-G-AV-KH-GT-RR-HNTGKNO-F-SMOE-ATVI-GR-A-T-V-MV-AKR-D-Q-SD-SA-I-SSSV-VNM-VL-LKE-P-YMT-GCS-KLGA-WINSK-399
SML_ZM.99.SIVagmB04CMPF3061
-QA-E-A-Q-D-T-LSE-G-T-R-SK-GI-FH-IAKHM-VG-A-T-RL-D-IR-VN-Q-DA-N-H-VS-DIKP-H-LOM-VOD-PE-W-I-S-D-626
DEB_CM.99.CM40
-S-OA-R-K-Q-E-S-KEPEP-L-S-L-K-G-V-R-PK-GI-FS-DK-Y-FH-AK-MY-G-Y-V-R-VV-E-DN-HNH-A-D-AIH-H-R-E-VS-PD-D-Y-S-EW-622
DEB_CM.99.CM5
-S-OA-R-K-T-P-E-S-KEPEP-S-I-R-K-G-V-R-TK-GL-FSKDK-T-Y-FH-AK-MY-G-Y-V-R-VV-E-DN-HNH-A-D-AIH-H-R-E-VS-PD-D-Y-S-EW-622
DRL.DE.11.D3
W-R-YE-KL-OM-Q-E-P-K-K-L-N-S-E-DD-N-P-KVKNM-MRM-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
DRL.DE.11.D4
WSR-YE-KL-OM-Q-E-P-K-K-L-N-S-E-DD-N-P-KVKNM-MRM-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
GRV_ET.x.GRI 677 gri 1
W-A-YKN-QG-VQ-TOE-T-Q-E-P-K-K-L-N-S-E-DD-N-P-KVKNM-MRM-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
GSM_CM.99.CN166
-O-I-OSSE-S-AE-P-VV-TSL-EQ-G-MFS-DL-G-AV-V-R-KO-ET-LRT-AHL-GK-ALT-RVQ-VD-K-DM-QD-V-D-S-L-S-V-VNM-VLS-LEKVE-YMT-GYS-KEGI-W-NSK-399
GSM_CM.99.CN71
-O-I-OSSE-S-AE-P-VV-TSL-EQ-G-MFS-DL-G-AV-V-R-KO-ET-LRT-AHL-GK-ALT-RVQ-VD-K-DM-QD-V-D-S-L-S-V-VNM-VLS-LEKVE-YMT-GYS-KEGI-W-NSK-399
LST_CD.88.SIVlhoest485
W-DA-LE-YEQ-Q-KLQ-A-T-E-VVR-QNKK-VI-F-WR-GN-SI-RA-R-O-QKA-PLQ-A-GK-HV-IOV-VTR-V-D-SDH-V-L-IS-O-EQE-S-A-E-V-D-Y-EKVG-T-OS-634
LST_CD.88.SIVlhoest524
W-LE-YEQ-Q-KLQ-A-T-E-VVR-QNKK-VI-F-WR-GN-SI-RA-R-O-QKA-PLQ-A-GK-HV-IOV-VTR-V-D-SDH-V-L-IS-O-EQE-S-A-E-V-D-Y-EKVG-T-OS-634
LST_KE.x.lho7
W-LE-YEQ-Q-KLQ-A-T-E-VVR-QNKK-VI-F-WR-GN-SI-RA-R-O-QKA-PLQ-A-GK-HV-IOV-VTR-V-D-SDH-V-L-IS-O-EQE-S-A-E-V-D-Y-EKVG-T-OS-634
MML_ZM.99.SIVagmMAL_ZMB
M-M-R-YEQ-K-A-EQE-S-N-E-YRV-TTG-DISF-MG-NI-V-RA-GKQKT-S-LMK-AG-T-VGR-FV-MQI-TR-I-D-H-C-V-V-IS-MERE-S-SP-LE-V-Y-DS-M-I-D-624
MND_1.GA.x.MNDGB1
W-R-YE-KL-VQ-E-Q-E-P-M-KV-LT-S-E-D-N-P-V-TKH-ELRV-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
MND_2.CM.98.CM16
W-R-YE-KL-VQ-E-Q-E-P-M-KV-LT-S-E-D-N-P-V-TKH-ELRV-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
MND_2.GA.x.M14
W-R-YE-KL-VQ-E-Q-E-P-M-KV-LT-S-E-D-N-P-V-TKH-ELRV-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
MND_2.x.x.5440
W-R-YE-KL-VQ-E-Q-E-P-M-KV-LT-S-E-D-N-P-V-TKH-ELRV-AGL-AK-AL-RL-T-Y-VER-V-O-V-D-S-H-I-N-LSD-P-E-VY-VS-E-S-631
MNE_US.x.MNE027
W-M-A-YE-KI-SOEOE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-QV-H-VE-DV-Q-D-V-D-D-DS-R-VFN-V-D-E-Y-T-SC-KOS-E-I-D-628
MON_CM.99.L1 99CML1
-SOL-QA-E-EST-G-NEP-KV-LTSLAEN-G-RFF-K-SV-F-KL-ST-S-TYO-AD-LA-LGK-A-T-RL-IR-V-V-Q-DA-ADM-IN-V-DI-A-Y-S-H-LRO-T-VOD-E-P-Y-TS-E-I-F-624
MUS_1.CM.01.CM1239
-Q-Q-Q-QA-Q-A-F-EQP-V-VSL-DS-G-NFL-NK-GI-S-F-KV-T-S-PYO-SD-IRAR-G-L-P-E-CRI-VI-O-DQ-H-VS-DI-A-H-TH-LRO-FT-VP-LSE-P-Y-HKVS-R-D-628
MUS_2.CM.01.CM1246
-S-Q-Q-OEAG-A-E-P-VL-VSL-EQ-G-TFT-DR-NM-R-F-KI-T-S-PYO-A-LSRASK-AL-C-D-VRI-V-Q-DN-ADS-T-DI-A-H-Y-LRO-FT-VP-LSE-P-Y-HKVS-R-D-628
MUS_3.GA.99.09gab0181
-S-L-M-M-QE-Q-D-E-VV-TSL-G-TMPS-NS-P-F-KV-SV-PYO-D-MT-LGR-A-Y-V-D-RI-VI-O-K-ADH-V-DV-A-HS-H-LRO-T-VQ-EK-P-Y-TS-A-R-T-619
OLC_CI.97.0912
W-K-E-E-EDE-M-KEEP-OCT-LCYTK-TVA-R-W-KH-GT-RFQ-KMT-KFR-M-G-TE-GK-L-I-OV-TTKO-A-AFD-VH-DI-SNENORTFW-VPA-M-EV-Y-K-NS-E-I-D-616
RCM_CM.00.SIVag1 00C312
F-K-YE-KLL-KL-E-P-K-LEG-S-VE-GD-G-P-KOKT-EIRM-AGL-CK-AV-L-E-VER-V-O-AD-VS-IR-N-V-D-P-E-VY-NS-E-I-D-630
RCM_CM.02.SIVrcm 02CM8081
F-R-YE-KLL-OM-E-P-KV-LTG-S-VE-GD-G-P-KOKT-EIRM-AGL-CK-AV-L-E-VER-V-O-AD-VS-IR-N-V-D-P-E-VY-NS-E-I-D-630
RCM_GA.x.SIVRCMGAB1
M-K-I-YE-KM-KL-EK-P-V-N-LEG-S-E-S-G-P-KOKT-EIRM-AGL-CK-AV-L-E-VER-V-O-AD-VS-IR-N-V-D-P-E-VY-NS-E-I-D-630
SAB_SN.x.SAB1
W-E-Q-ROKQO-Q-ALP-R-KVL-L-D-G-PE-N-I-V-KIKT-ELRM-AGL-GK-AL-QI-IME-VER-L-O-SD-V-M-S-Q-TR-K-V-D-P-EAVY-NS-E-I-D-649
SMM_CI.79.SIVsmC12
W-L-A-T-OEOE-AF-REPEP-E-TV-NODN-K-H-GS-RV-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-OSRE-I-D-624
SMM_SL.92.SL92B
W-L-A-T-OEOE-S-KIOP-TAI-KNEP-S-K-H-E-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-OSRE-I-D-624
SMM_US.06.FtQ
W-L-A-I-NOEOE-C-REPEP-E-TV-NODN-K-H-GD-RI-V-F-KIKNT-G-RL-ANV-GK-AL-F-H-VER-V-D-O-D-D-DS-IR-VFN-V-D-EKE-VY-I-SC-NS-E-D-621
SMM_US.11.SIVsmE660 FL8
W-M-A-FE-I-SOEOE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-N-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-V-HM-VER-I-O-D-V-D-DS-R-VFN-V-D-E-I-SC-O-V-I-D-628
SMM_US.86.CFU212
W-M-A-YE-KI-SOEOE-C-OEG-P-E-TVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-AL-RI-H-VER-O-DN-V-D-D-S-R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-OSRE-I-D-624
SMM_US.x.H9
W-M-A-YE-KI-PSOEP-C-OEG-P-E-PVI-SODN-S-K-H-D-I-V-F-KIKNT-G-RL-AHVI-GK-A-I-OV-RH-VE-X-I-O-D-V-D-DS-R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-OSRE-I-D-624
SUN_GA.99.L14
N-RE-YM-Q-V-Q-S-S-E-D-E-CRV-VK-IL-F-WL-GK-OV-RV-R-OKRGA-E-PCO-AL-L-VE-IOV-R-I-SO-AD-C-L-S-K-EQE-T-AT-VP-D-Y-EKLE-R-I-OG-634
SYK_KE.x.KE51
-A-M-YM-VEOT-S-O-E-P-E-H-S-L-O-G-I-K-G-QE-P-I-TGKAYAT-H-YOA-AQLNM-GIOALW-I-E-H-VKR-E-K-DH-L-VKC-H-I-RMY-N-VS-V-E-NS-E-O-I-D-656
SYK_KE.x.SYK173 COMGNM
-A-A-E-Q-EQA-S-K-P-E-H-T-L-SO-G-M-K-OKGPP-I-T-KTFA-S-YOS-AQLLN-GIO-LW-V-T-H-VKR-E-K-DH-L-VKC-H-I-RMY-N-VS-V-E-NS-E-O-I-D-656
TAL_CM.00.266
-S-A-A-E-T-OEPEP-E-LT-LAE-G-M-M-K-GK-RL-F-KO-T-S-PYO-IG-M-GK-F-OV-V-RI-V-E-O-D-H-CS-TIIVPH-R-N-VQ-E-D-Y-H-S-E-AT-621
TAL_CM.01.8023
-S-A-A-E-T-OEPEP-E-LT-LAE-G-M-M-K-GK-RL-F-KO-T-S-PYO-IG-M-GK-F-OV-V-RI-V-E-O-D-H-CS-TIIVPH-R-N-VQ-E-D-Y-H-S-E-AT-621
TAN_UC.x.SIVtanTAN1
W-Q-V-FRO-Q-EQO-A-E-E-P-R-V-L-D-D-S-FK-G-I-V-F-KOKAT-ELRV-AGV-GK-AL-QL-T-E-VER-O-AD-SV-T-T-T-P-KVDY-C-OS-E-I-OG-636
VER_KE.x.AGM155
W-P-A-YE-KI-TEQE-T-E-P-KVAV-L-D-G-FK-D-I-F-FKOKAT-ELRV-AGV-GK-AL-QL-T-E-VER-O-AD-SV-T-T-T-P-KVDY-C-OS-E-I-OG-636
VER_ZA.10.VSAC4004
W-D-A-YE-KI-TEQE-T-E-P-KVAV-L-D-G-FK-D-I-F-FKOKAT-ELRV-AGV-GK-AL-QL-T-E-VER-O-AD-SV-T-T-T-P-KVDY-C-OS-E-I-OG-636
VER_ZA.10.VSAG1003
W-P-V-Y-K-TSQE-A-N-KVAV-LPE-S-FK-GG-NI-MKNKAT-LRV-AGL-AK-TC-TL-V-E-VER-V-O-SD-VS-SV-T-R-T-D-PKVDY-SC-NS-M-I-OG-634
VER_ZA.10.VSAMB022
W-Q-I-TTQE-A-TS-R-T-LPD-S-K-GN-QI-R-MKAKAT-LRV-AGL-AK-TC-TL-V-E-VER-V-O-SD-VS-SV-T-R-T-D-PKVDY-SC-NS-M-I-OG-636
WRC_CI.98.98M04
W-LE-EI-KS-EQMA-TOKELVAF-TKTSQWAYSISAE-K-P-V-G-Q-I-T-E-DI-DS-SH-VS-DT-H-S-YARE-KVIV-EV-Y-T-DS-NS-E-F-WTMS-626
WRC_CM.05.Pbt_05GM_X02
W-M-A-EI-A-SQO-S-GGDLIAEV-KTGTQWATYKEAGE-T-P-V-F-T-HI-ELRT-AHCI-G-A-L-RI-VE-DI-DM-S-V-H-S-F-KRE-T-VS-E-V-EM-I-S-K-S-E-WTKT-630

p51 RT end_p15 RNase H start

p51 RT end_p15 RNase H start

Pol

PLV Proteins

p66 RT, p15 RNase H end, p31 Integrase start

Table of protein sequences for p66 RT, p15 RNase H end, and p31 Integrase start. Columns include protein names (e.g., H1A1, H1B, H1C) and their corresponding amino acid sequences.

p15 RNase H end, p31 Integrase start

Table of protein sequences for p15 RNase H end and p31 Integrase start. Columns include protein names (e.g., MAC, H2A, H2B) and their corresponding amino acid sequences.

	Vpx start	Vpx end
MAC.US.x.239	MSD..PRERIP..PGNSGEETIGEAFEWLNRTVEEINREAVNHLPRELIFQVWORSWEYWHDEQGMSPSYVKYRYLCLIQKALFMHCKKGCRCLEGEHGAGGW.RPG..PPPPPPGLA*	112
H2A.DE.x.BEN	-T...-V...-E...-I...-AL...-R...-A...-T...-M...-I...-T...-F...-R...-T...-W...-DM...-RE...-LEDQ...-V...	114
H2A.PT.x.ALI	-AN...-TV...-D...-AL...-R...-Q...-T...-M...-MYT...-FM...-T...-G...-P...-S...-V...	113
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	-AG...-T...-D...-A...-R...-I...-T...-M...-M...-I...-S...-R...-T...-G...-P...-S...-V...	113
H2B.CI.x.EH0	...-V...-E...-T...-L...-HL...-V...-K...-A...-RE...-I...-T...-M...-I...-FA...-G...-R...-P...-S...	113
H2B.GH.86.D205.ALT	...-V...-D...-V...-A...-E...-IT...-L...-V...-K...-A...-RE...-I...-T...-L...-M...-M...-V...-YT...-Q...-P...-S...	112
H2G.CI.92.Abt96	...-V...-E...-D...-V...-A...-E...-T...-I...-R...-A...-RE...-I...-T...-L...-M...-M...-V...-YT...-Q...-P...-S...	112
H2U.CI.07.071C.TNP3	...-D...-VE...-ES...-TA...-Q...-G...-R...-T...-T...-Y...-R...-Q...-R...-P...-S...-I...	112
H2U.FR.96.12034	-G...-E...-V...-S...-E...-RD...-A...-Q...-Q...-R...-E...-T...-Q...-R...-P...-S...-I...	113
MNE.US.x.MNE027	...-T...-YS...-AV...-G...-K...-R...-F...-QA...-TQ...-L...-C...-V...-T...-R...-S...-A...	113
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GS..A...-T...-D...-D...-E...-V...-T...-R...-AA...-T...-VQ...-M...-M...-Q...-FR...-T...-R...-SQ...-T...	111
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-T...-HN...-AL...-QT...-Q...-R...-C...-V...-Y...-A...-VQ...-M...-M...-Q...-FR...-T...-R...-SQ...-T...	113
SMM.SL.92.SL92B	...-E...-D...-A...-R...-R...-A...-T...-V...-R...-T...	113
SMM.US.06.FI0	...-E...-G...-A...-R...-M...-E...-T...-V...-R...-T...	113
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	...-L...-V...-R...-C...-F...-M...-M...-R...-N...-R...-E...-Q...	113
SMM.US.86.CFU212	-A...-X...-D...-H...-X...-A...-R...-X...-M...-V...-T...-X...-GE...	113
SMM.US.x.H9	-X...-X...-D...-H...-X...-A...-R...-X...-M...-V...-T...-X...-GE...	113
DRL.DE.11.D3	-AEGQ-A-A-AE-VGA...-V...-LE...-Q...-SLLR...-Q...-RL-FHP-FL-RL-NTCM-HY-ALQL-FI-S...-L-L-M--FQ0-S-VQGR-PPPLRPAGDRL...-V-	116
DRL.DE.11.D4	-AEGQSV-A-AE-VGA...-V...-LE...-Q...-SLLR...-Q...-QL-FHP-FL-RL-NTCM-HY-ALQL-FI-S...-L-LH-M-T-FQ0-S-VRGR-PPPLRPAGDRL...-V-	117
MND-2.CM.98.CM16	-AE...GAPE...E...GA...-V...DLNT...E...SL...K...-Q...-RL-FHP-FL-RL-NACT-H-RHQR-L-A...-L-MN-M-T-MQ0E-P-RS...-P...-MV-	100
MND-2.GA.x.M14	-AE...A...EA...OGA...-V...GLEQ...E...SL...QV...-QL-FHP-FL-RL-NTCV-H-RLRRTL-N-A...-L-M--M-V-MQ0-P-RS...-S...-100	100
MND-2.x.x.5440	-AE...A...EA...EGA...-V...GLEQ...ETS...L...-RL-FHP-FL-RL-NTCV-H-RHOR-LD-A...-L-MH-MYT-MQ0-P-RN...-RP...-M...	100
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	-AE...A...EG...TGA...-VEFOPWLARMLY...-Q...-RL-F-G-F-HL-RTCV...-RTL...E...AG...-L-M--T-MRS-KLR...-DPPRO...ERV...IL...MQ-	106
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	-AE...A...EV...TGA...-VEFOPWLARMLY...-Q...-RL-FHP-F-RL-RTCV-H...-L-R...LE...AG...-L-M--T-MRS-LR...-DPPRO...ERV...IL...MQ-	106
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	-AE...A...EV...TGA...-AEFQPWL.RDML-KV-L...-RL-FHP-F-RL-RTCV-H...-VHQR-LE-AA...-L-M--I...QT...SQR...-PNPR.AV-ERI...TIL...M...	105

Vpr start	oligomerization		amphipathic α -helix		H(S/N)RIG motifs		Vpr end in HXB2		Vpr end	
					frameshift in HXB2					
MEQA	PEDQGPQREPHNEWTLLELLEELKNEAVRHFRPIWLHGLGHQIHYETG	96
H18_FR.83.HXB2	96
H1A1.UG.85.U455.U455A	96
H1C.ET.86.ETH2220	97
H1F1.BE.93.VI850	97
H1G.BE.87.ANT70	98
H10_CM.91.MVP5180	101
H10_CM.98.98CMA105	101
H10_CM.98.98CMA105	101
H10_CM.98.98CMA105	101
H10_CN.99.99SE.MP1299	101
H10_US.99.99STWLA	101
H1N_CM.02.DJ08131	96
H1N_CM.04.04CM.1015_04	96
H1N_CM.04.04CM.1131_03	96
H1N_CM.05.YBF30	96
H1P_CM.06.U14788	96
CPZ_CD.06.BF1167	99
CPZ_CD.09.ANT	96
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	89
CPZ_CM.05.LB715	97
CPZ_CM.05.SIVcpzDP943	96
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	96
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	96
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	97
CPZ_CM.05.SIVcpzMB897	99
CPZ_GA.88.SIVcpzGAB2	97
CPZ_TZ.09.TAN1	98
CPZ_TZ.06.SIVcpzTAN13	97
CPZ_TZ.09.UG38	84
CPZ_US.85.US.MariLyn	84
GOR_CM.04.SIVgorCP684con	99
GOR_CM.07.SIVgor2139_287	101
GOR_CM.07.SIVgorCP2135con	99
GOR_CM.12.SIVgorBPID1	99
GOR_CM.12.SIVgorBQID2	99
GOR_CM.13.SIVgorBPID15	101
MAC_US.x.239	99
H2A.DE.x.BEN	102
H2A.PT.x.ALI	102
H2A.SN.86.ST.JSP4_27	106
H2B.CI.x.EH0	105
H2D.GH.86.D285_17	105
H2G.CI.92.Abt96	105
H2U.CI.07.07IC.TMP3	103
H2U.FR.96.L2034	102
MNE_US.x.MNE027	103
SMM.CI.79.SIVsMC12	102
SMM.SL.92.SIVsMSL92A	102
SMM.SL.92.SL92B	103
SMM_US.06.FtQ	103
SMM_US.11.SIVsmE660_FL8	101
SMM_US.86.CFU212	102
SMM_US.x.H9	102
ASC.UG.10.RT03	102
COL_CM.x.CGU1	102
COL.UG.10.BWC01	134
COL.UG.10.BWC07	93
DEB_CM.04.SIVdeb04CMFP3061	95
DEB_CM.99.CM40	118
DEB_CM.99.CM5	118
DRL.DE.11.D3	101
DRL.DE.11.D4	101
GRV.ET.x.GRI.677_gri_1	119
GSN_CM.99.CN166	134
GSN_CM.99.CN71	136
LST_CD.88.SIVlhoest485	115
LST_CD.88.SIVlhoest524	115
LST_KE.x.lho7	121
MAL_ZM.09.SIVagmMAL_ZMB	122
MND_1.GA.x.MND6B1	105
MND_2_CM.98.CM16	102
MND_2.GA.x.M14	102
MND_2.x.x.5448	102
MND_CM.01.99CML1	121
MUS_1_CM.01.CM1239	136
MUS_2_CM.01.CM1246	136
MUS_3.GA.09.09GaB0181	136
OLC.CI.97.97C112	140
RAGI.02.SVAg1_00C312	97
RCM_CM.02.SIVrcm_02CM8081	101
RCM_GA.x.SIVRCMGAB1	101
SAB_SN.x.SAB1	101
SUN_GA.98.L14	141
SVK_KE.x.KE51	117
SVK_KE.x.SVK173_COMGNM	116
TAL_CM.00.266	116
TAL_CM.01.8023	115
TAN_UG.x.SIVagmTAN1	120
VER_KE.x.AG1M55	116
VER_ZA.10.VSAC4004	119
VER_ZA.10.VSAG1003	115
VER_ZA.10.VSAM0022	119
WRC.CI.98.98CI04	117
WRC_CM.05.Pbt_05GM_X02	118

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.VI850
H1O.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA197
H10.CM.98.98CMA1197
H10.SN.99.99SME.MP1299
H10.US.99.99STWLA
H1N.CM.02.J008131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CD.06.BF1167
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.00.8W07
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgorBP1D1
GOR.CM.12.SIVgorBQ1D2
GOR.CM.13.SIVgorBP1D15

Tat start

Table with columns: C-rich region, nuclear localization, exon 1 end, exon 2 start. Rows include protein sequences like MEPVDP, MAC.US.x.239, H2A.DE.x.BEN, etc.

Tat start

MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.J5P4.27
H2M.CI.x.EH0
H2O.GH.86.0295.17
H2G.CI.92.0bt19c
H2U.CI.07.071C.TMP3
H2U.FR.96.12034
ASC.CD.13.SIVasc.13DRC.18
ASC.UG.10.RT08
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DARKVLD00DA.GIH
DARKVLD00DA.GIH
DKEEP.HPL10DLHR
GRI.ET.x.GRI.677.gri.1
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
LST.CD.88.SIVhoest485
LST.CD.88.SIVhoest524
LST.KE.x.lh07
MAL.XM.2009.SIVagmMAL_ZMB
MND.1.GA.x.MNDGMI
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MON.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.09.09GaboI81
OLC.CI.97.97C112
RCM.CM.00.SIVa1.00CM312
RCM.CM.02.SIVcm.02CM8081
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1
SMM.CI.79.SIVsCMC12
SMM.SL.92.SIVsSL92A
SMM.SL.92.SIVsSL92B
SMM.US.06.FtQ
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
VER.ZA.10.VSAG1803
VER.ZA.10.VSAM0022
WRC.CI.98.98C104
WRC.GM.05.Pbt_05GM.X02

Table with columns: C-rich region, nuclear localization, exon 1 end, exon 2 start. Rows include protein sequences like SEADASTPESANLG, SEADVAVQELAKOG, etc.

	Tat end ^	
H1B.FR.83.HXB2*	
H1A1.UG.85.U455 U455A*	
H1C.ET.86.ETH2220*	
H1F1.BE.93.VI850*	
H10.BE.87.ANT70	RTSGQ.....	
H10.CM.91.MVP5180	RISGQ.....	
H10.CM.98.98CMA105	RTSGQ.....	
H10.CM.98.98CMABB197	
H10.SN.99.99SE MP1299	
H10.US.99.99USTWLA	
H1N.CM.02.DJ08131	
H1N.CM.04.04CM_1015_04	
H1N.CM.04.04CM_1131_03	
H1N.CM.95.YBF30	
H1P.CM.06.U14788	TT.....	
CPZ.CD.06.BF1167	
CPZ.CD.90.ANT	WT.....	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	
CPZ.CM.05.LB715L	
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	
CPZ.TZ.00.TAN1	RTSGTSSSGYTRPFKTSSSGSSGSACKH	
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	RTSGTSSSGSTRPVSTSSGCGWPKSP-	
CPZ.TZ.09.UG38	RTSGPSSCGSTRPVKTSAGSSGR.S...	
CPZ.US.85.US_Marilyn	
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	TISEPWLCGSTGH.....	
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	
GOR.CM.12.SIVgor_BP1D1	
GOR.CM.12.SIVgor_BQ1D2	TSGQ.....	
GOR.CM.13.SIVgor_BP1D15	
	Tat end ^	
MAC.US.x.239	
H2A.DE.x.BEN	
H2A.PT.x.ALI	
H2A.SN.86.ST_JSP4_27	
H2B.CI.x.EH0	RFAN.....	
H2B.GH.86.D205 ALT	
H2G.CI.92.Abt96	
H2U.CI.07.07IC_TNP3	
H2U.FR.96.12034	
ASC.CD.13.SIVasc_13DRC_I8	
ASC.UG.10.RT03	
ASC.UG.10.RT08	
ASC.UG.10.RT11	
COL.CM.x.CGU1	
COL.UG.10.BWC01	
COL.UG.10.BWC07	
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	
DEB.CM.99.CM40	RISNWC.....	
DEB.CM.99.CM5	
DRL.DE.11.D3	AKK.Q.....	
DRL.DE.11.D4	AKK.Q.....	
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1	
GSN.CM.99.CN166	
GSN.CM.99.CN71	TT.....	
LST.CD.88.SIVlhoest485	
LST.CD.88.SIVlhoest524	
LST.KE.x.lho7	
MAL.XM.2009.SIVagmMAL_ZMB	RGSIGARD.....	
MND-1.GA.x.MNDGB1	
MND-2.CM.98.CM16	
MND-2.GA.x.M14	GGQSK.....	
MND-2.x.x.5440	GSQSKGAG.....	
MNE.US.x.MNE027	
MON.CM.99.L1_99CML1	
MUS-1.CM.01.CM1239	
MUS-2.CM.01.CM1246	
MUS-3.GA.09.09GaboI81	KTSTT.....	
OLC.CI.97.97C112	H.....	
RCM.CM.00.SIVagi_00CM312	
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1	
SAB.SN.x.SAB1	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	
SMM.SL.92.SL92B	
SMM.US.06.FTq	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	
SMM.US.06.CFU212	
SMM.US.x.H9	
SUN.GA.98.L14	
SYK.KE.x.KE51	
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	
TAL.CM.00.266	
TAL.CM.01.8023	RTSTASSATVTRP.....	
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	
VER.KE.x.AGM155	RGPVGGAGN.....	
VER.ZA.10.VSAC4004	RADTGSAD.....	
VER.ZA.10.VSAG1003	GGSAGTSD.....	
VER.ZA.10.VSAM0022	GRTVGPSPD.....	
WRC.CI.98.98CI04	
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02	

100
102
101
103
115
116
114
97
98
98
102
102
102
102
112
101
115
100
108
103
101
100
102
101
100
137
137
134
134
103
124
83
83
83
83
116
72

131
131
137
134
139
129
134
129
129
103
106
106
106
86
87
90
99
111
97
125
125
95
105
135
108
109
109
112
108
113
123
127
135
105
102
109
117
108
116
114
107
107
134
133
106
131
133
130
133
133
133
133

	Rev end	
H1B.FR.83.HXB2*	116
H1A1.UG.85.U455_U455A*	124
H1C.ET.86.ETH2220*	108
H1F1.BE.93.VI850*	117
H10.BE.87.ANT70*	103
H10.CM.91.MVP5180*	104
H10.CM.98.98CMA105*	102
H10.CM.98.98CMABB197*	103
H10.SN.99.99SE_MPI299*	104
H10.US.99.99USTWLA*	104
H1N.CM.02.DJ08131*	107
H1N.CM.04.04CM_1015_04*	105
H1N.CM.04.04CM_1131_03*	105
H1N.CM.95.YBF30*	105
H1P.CM.06.06BWC07*	103
CPZ.CD.06.8F1167*	126
CPZ.CD.90.ANT*	119
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13*	124
CPZ.CM.05.LB715*	111
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943*	125
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505*	104
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7*	124
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66*	124
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897*	123
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2*	124
CPZ.TZ.09.TAN1*	106
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13*	96
CPZ.TZ.09.UG38*	111
CPZ.US.85.US_Marilyn*	106
GOR.CM.04.SIVgorCP684con*	105
GOR.CM.07.SIVgor2139_287*	105
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con*	105
GOR.CM.12.SIVgor_BPID1*	105
GOR.CM.12.SIVgor_BQID2*	109
GOR.CM.13.SIVgor_BPID15*	105

	Rev end	
MAC.US.x.239*	108
H2A.DE.x.BEN*	104
H2A.PT.x.ALI*	108
H2A.SN.86.ST_JSP4_27*	108
H2B.CI.x.EH0*	151
H2B.GH.86.0205_ALT*	154
H2G.CI.92.Abt96*	101
H2U.CI.07.07IC_TNP3*	103
H2U.FR.96.12034*	99
ASC.CD.13.SIVasc_13DRC_I8*	111
ASC.UG.10.RT03*	102
ASC.UG.10.RT08*	102
ASC.UG.10.RT11*	102
COL.CM.x.CGU1*	94
COL.UG.10.BWC01*	98
COL.UG.10.BWC07*	117
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061*	98
DEB.CM.99.CM40*	91
DEB.CM.99.CM5*	88
DRL.DE.11.D3*	87
DRL.DE.11.D4*	87
GRV.ET.x.GRI_677_gri_1*	148
GSN.CM.99.CN166*	125
GSN.CM.99.CN71*	121
LST.CD.88.SIVlhoest485*	174
LST.CD.88.SIVlhoest524*	149
LST.KE.x.lho7*	149
MND-1.GA.x.MNDGB1*	88
MND-2.CM.98.CM16*	91
MND-2.GA.x.M14*	89
MND-2.x.x.5440*	88
MNE.US.x.MNE027*	108
MON.CM.99.L1_99CML1*	113
MUS-1.CM.01.CM1239*	107
MUS-2.CM.01.CM1246*	100
MUS-3.GA.09.09Gab0I81*	114
OLC.CI.97.07CI12*	124
RCM.CM.00.SIVag1_00CM312*	108
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081*	105
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1*	94
SAB.SN.x.SAB1*	100
SMM.CI.79.SIVsmCI2*	104
SMM.SL.92.SIVsmSL92A*	104
SMM.SL.92.SL92B*	100
SMM.US.06.FTq*	107
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8*	101
SMM.US.86.CFU212*	106
SMM.US.x.H9*	101
SUN.GA.98.L14*	151
SYK.KE.x.KE51*	85
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM*	78
TAL.CM.00.266*	126
TAL.CM.01.8023*	112
TAN.UG.x.SIVaemTAN1*	104
VER.KE.x.AGM155*	90
VER.ZA.10.VSAC4004*	90
MAL.ZM.2009.SIVagmMAL_ZMB*	87
VER.ZA.10.VSAG1003*	90
VER.ZA.10.VSAM0022*	90
WRC.CI.98.98CI04*	124
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02*	146

H1B.FR.83.HXB2	Vpu end	
H1A1.UG.85.U455_U455A		*
H1B.US.90.WEAU160_GHOSH		
H1C.ET.86.ETH2220		
H1D.CD.84.84ZRO85		
H1F1.BE.93.VI7850		
H1G.SE.93.SE6165_G6165		
H1H.CF.90.056		
H1J.SE.93.SE9280_7887		
H1K.CM.96.96CM_MP35		
H101.AE.TH.90_CM240		
H102.AG.NG.x.IBNG		
H103.AB.RU.97.KAL153_2		
H104.cpx.CY.94.94CY032_3		
H10.BE.87.ANT76		
H10.CM.91.MVP5180		
H10.CM.94.BCF06		
H10.CM.96.96CMA102		
H10.CM.96.96CMABB009		
H10.CM.96.96CMABB637		
H10.CM.97.97CMABB447		
H10.CM.97.97CMABB497		
H10.CM.98.98CMA104		
H10.CM.98.98CMA105		
H10.CM.98.98CMABB141		
H10.CM.98.98CMABB197		
H10.CM.98.98CMABB212		
H10.CM.98.98CMU2901		
H10.CM.98.98CMU5337		
H10.CM.99.99CMU4122		
H10.CM.x.pCM02_3		
H10.CM.x.pCM02_5		
H10.FR.92.VAU		
H10.SN.99.99SE_MP1299		
H10.SN.99.99SE_MP1300		
H10.US.99.99USTWLA		
H10.US.x.I.2478B		
H1N.CM.02.DJ00131		
H1N.CM.02.SJGddd		
H1N.CM.04.04CM_1015_04		
H1N.CM.04.04CM_1131_03		
H1N.CM.06.U14296		
H1N.CM.06.U14842		
H1N.CM.95.YBF30		
H1N.CM.97.YBF106		
H1P.CM.06.U14788		
H1P.FR.06.RBF168		
CPZ.CD.06.BF1167		
CPZ.CD.90.ANT		
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13		
CPZ.CM.05.LB715		
CPZ.CM.05.LB715		
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943		
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505_c2		
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505		
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7		
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66		
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897_c2		
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897		
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145_c2		
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145		
CPZ.CM.98.CAM3		
CPZ.CM.98.CAM5		
CPZ.GA.88.GAB1		
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2		
CPZ.TZ.00.TAN1		
CPZ.TZ.01.TAN2		
CPZ.TZ.02.TAN3_1		
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13		
CPZ.TZ.06.TAN5		
CPZ.TZ.09.UG38		
CPZ.US.85.US_Marilyn		
GOR.CM.04.SIVgorCP684con		
GOR.CM.07.SIVgor2139_287		
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con		
GOR.CM.07.SIVgorCP2139_1con		
GOR.CM.07.SIVgorCP2139_2con		
GOR.CM.12.SIVgor_BP1D1		
GOR.CM.12.SIVgor_BO1D2		
GOR.CM.13.SIVgor_BP1D15		
DEN.CD.x.CD1_CM0580407		
GSN.CM.99.CN166		
GSN.CM.99.CN71		
MON.CM.99.L1_99CML1		
MON.NG.x.NGI		
MUS-1.CM.01_CM1239		
MUS-1.CM.01.SIVmus_01CM1085		
MUS-2.CM.01_CM1246		
MUS-2.CM.01_CM2500		
MUS-3.GA.09.09Gab0181	SSA	
MUS-3.GA.11.11GabPts02	SPFKYHRGI	

82
30
82
82
83
82
82
81
82
81
81
82
79
82
86
86
86
86
86
115
86
84
86
86
87
86
86
84
86
112
112
112
86
86
86
112
87
103
101
113
68
101
110
101
79
79
82
135
108
81
81
82
105
105
80
87
83
83
114
114
86
115
112
123
84
84
84
84
83
85
81
107
107
107
107
79
86
80
65
107
77
88
98
76
77
78
78
78
140
148

	glycosylation NST		glycosylation NNT		CD4 binding		glycosylation NIT		glycosylation NES		CD4 binding	
	glycosylation NST		glycosylation NNT		CD4 binding		glycosylation NIT		glycosylation NES		CD4 binding	
H1B.FR.83.HXB2	GGDPEIVTHSFCNGGEFFY	NSLQFNSTWFWNSWT	EGSNNT	EGSDITLTP	CRIKQIINMVKYKAMYAPISG	QIRCSNITGLLLTRDGGN	SNMSEIEIRPGGDMRDNMRSELYKVKVVKIEPLGVAP	498				
H1A1.UG.85.U455.U455A	I-T-T-T	TSG-I-NG-MSND-M-P-G										
H1C.ET.86.ETH2220	L-T-T-T	TSN-KLELFN-S-TNL										
H1F1.BE.93.V1850	L-TM-L-H	DTSG-D-GS-NGT	CVSV		KLR-VVRS-TRGSGL	K-NL-T-N	MI-OM					
H10.S.07.C1470	L-VTHLH-H	TAKM-Y-T-SCNGT	CVSV		KLR-VVRS-M-GESEI	K-NL-T-N	MI-OM					
H10.CM.91.MVP5180	A-VSHLH-R	TSGM-Y-T-INCTKS.G	COEIK	GSMETNKNGT	I-KLR-LVRS-M-GESEI	P-NLH-H	MI-OM-OP					
H10.CM.98.98CMA105	TTHLH-H	TSN-Y-T-SCNGT	CNDS	OSTTNDT	QI-KLR-VVRS-I-GOSGF	K-NL-T-N	MI-OM-APWN					
H10.CM.98.98CMA8197	D-A-NLH-H	TSKM-Y-S-SCVEN	CNVSV	ODHOSNDTT	RI-KLR-VVRS-TOG-SGI	Q-KL-E	MI-OM-KP					
H10.SN.99.99SE MP129H	S-VTHLH-H	TSKM-Y-T-SCIGN	C-SNO	NSSNSNDT	RIY-VVRS-TOG-SGL	RK-NL-T	MI-OL-MP					
H10.US.07.SIVgorCP170	TN-VTHLH-H	TSN-Y-T-SCIGN	CRIQN	DMWYENST	RIY-LR-VVRS-HRS-SGI	K-NL-T-N	MI-OM-APWN					
H1N.CM.02.DJ08131	VTHLH-H	TSR-ESMN		TNGTNG	R-VL-TR-GI	R-NL-T-N	I-EHS					
H1N.CM.04.04CM.1015.04	VTHLH-H	TSR-DENG		TVNG-I	R-VL-TR-GI	R-NL-T-N	I-EVS-N					
H1N.CM.04.04CM.1131.03	S-VTHLH-H	TSR-ESK		ETTING-I	R-VL-TR-GI	R-NL-T-N	I-EVS					
H1N.CM.95.YBF30	E-L-VTHLH-R	TSK-EELL-E-GEF			R-VL-TR-GI	R-VLN-T	M-E-EVSN					
H1P.CM.06.014788	YSSLH-S-H	TS-PSYDNDTTW	RAAGN	HMT-SENI	S-LR-VV-S-MR-SGL	R-E	ELK-V-S	FIM-AETNDTG				
CPZ.CM.06.BF1167	Q-V-W-Q	DLKMT-NGEID		GMLA	LR-VV-S-MR-SGL	R-E	ELK-V-S	FIM-AETNDTG				
CPZ.CM.09.ANT	D-VK-V-Q	DI-PW-A-YTGMLTN	AL	IAH	V-H-GI-S-GI-LA	RR	NVS-T-S	IM-EGOVI				
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AN-M	DTRKM	ES-PEHE		R-S-MR-RGI	PP	H-T-N-L	I-HV				
CPZ.CM.05.LB715	OK-Y	ETSS-A-IDITPT-LNET		TWDYPAENNIQEMHII	V-S-R-GI	FR	T-O-N-T					
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	NMMI	NS-T-T-S-L	INSS		R-VV-S-MR-GI	R-T	P-T	EL-R-LP				
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	L-VTNLMI	TS-TMKN		NTTG	R-VL-TR-GI	K-P	N-T	II-DVTKSG				
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	VANLH-H	TSR-D-LLRNKTL	NETLHN		R-VL-LR-GIF	R-N	N-T	I-EKHTN				
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	L-VTNLHLI	TSI-TSIFNETKD.D			R-VL-R-RGIFL	R-N	I	I-FAQQ.KTD				
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	L-VT-Y	TSN-OSTI		NNITHI	R-V-O-G-GIF	R-T	O-N-T	K-E				
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2	V-NFM	TSR-ITNSDSTE		YI	K-R-VV-S-MR-GIF	RR	T-N-T	EVON				
CPZ.TZ.09.CT6	D-VTFLH-H	L-NWT-TWTA	MRTN	THGTL	L-NWT-VL-R	RR	VK-N	IAEAK-N				
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	K-VEFW-Q	L-KWII		TDOTNLVA	R-VH-GI-A-I	RR	TKV-V	F-M-NEETGA				
CPZ.TZ.09.UG38	L-VTNFW-Q	L-NWT-I-LETWLK	NN		RPLVA-KLR-V-H-GI-S-GI-L	RR	NL-T-R	FIT-W				
CPZ.US.05.Marilyn	V-NMML	TIP-M-Y-N	DNTTI		R-V-O-MR-GIF	K	VLS-N	MI-DISISAV				
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	V-TSLH-H	T-KM-Y-KCTGEHCN	CTDKE	LCKNKAEMEY	I-L-VV-S-MR-SGLF	XR	TX-IXX	IX-O-TPX				
GOR.CM.07.SIVgor2139.287	V-TFLH-H	K-SV-N-C	CTEG	TSNTETTKY	HL-VV-S-MR-SGLF	R	TL-K	II-O-APL				
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	R-VSHLH-H	DT-KM-YNCTGECDC	ITG-C		HL-VV-S-MR-SGLF	R	TL-K	II-O-APL				
GOR.CM.12.SIVgorBPID1	VASLH-H	TSR-H-S-C-K-N	MT-KNEWIC	T-PNNATG	LR-L-VV-S-MR-SGLF	P	SLT-K	I-E-LP-LGNMTN				
GOR.CM.12.SIVgorBPID2	L-VAMLH-H	T-TM-Y-Y	CSH.H	SC	KAOSKNIS-GDSYI	KL-VV-S-MR-SGLF	R	TLK-M				
GOR.CM.13.SIVgorBPID5	VTHLH-H	TSK-Y-Y-V	CNVD	GG-ANYSC	H-STSTLENG-LVI	KLR-VV-S-MR-SGLF	VP	SLT-H	I-O-WP-LNNNTT			
ASC.UG.10.RT63	R-VES-W-Q	LSRI-QK-N-TNDTFY	PRNI		TKEGAEISN-WFT	T-R-VV-R-SH-E-L	L-RR	HVO-T-V	V-VESEYYPG			
ASC.UG.10.RT88	R-VES-W-Q	LSRI-QK-N-TNDTFY	PRNI		TOEG-ALSU-WFT	T-R-VV-R-SH-E-L	L-RR	HVO-T-V	V-VESEYYPG			
ASC.UG.10.R713	R-VES-W-Q	LSRI-QK-N-TNDTFY	PRNI		TEEG-RLSRWFT	T-R-VV-R-SH-E-L	L-RR	HVO-T-V	V-VESEYYPG			
COL.CM.x.CGU1	TS-ATFTFVI	HRL-ASS-WKHS			PVMN-T-RKLV-S-VTHARIL	G-PG	HLQ-NWEKQPIAFMGTEG					
COL.UG.10.BWC01	TS-ATFTFVI	HRL-DASS-WAKNS			SVMN-T-RKLV-S-VTHARIL	G-PG	HLQ-NWEKQPIAFMGTEG					
COL.UG.10.BWC02	YTFITTFHMF	LY-NASSL	WSG-T		TVMN-T-RKLV-S-VTHA	IL-G-LK	TLQTYWEKQPIAFMGTEG					
DEB.CM.04.SIVdeb04CPMF3061	R-VORV-H	Y-VKALFLND			TTW-NNTLH	K-N-LV-Y-T-OHL	RE	EL-D	HVSALITFDVAHYGH			
DEB.CM.09.CM239	K-R-VQSV-W-Q	LSI-QLNN	TIN-S	NTG	ITSYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
DEB.CM.09.CM5	R-VONTV-H	YSKA	NLLMNT		NNITW-NNTLH	K-N-LV-T-F-OHV	L-KE	ELK-H	SVA-FVEVAHYGO			
DRL.DE.11.D3	K-LASENLMLL	-Y-F-TSKIWR	TWNR-SMWW		YPYAS-H	VDD-AR-RKI-M	V-FMNE	TQEV-EMFVEVQLKLTN				
DRL.DE.11.D4	E-LASENLMM	-Y-F-V-KIWK	TWNR-SMWW		YPYAS-H	DD-AR-RKI-M	V-FMNE	TQEV-EMFVEVQLKLTN				
GRV.ET.x.GRI.677.gri_1	GRV-ET.x.GRI.677.gri_1	KMDWFL	YLNNRTDPA	GT-RTCD	KG.KPGPGPCVORTVVA	H-R-VV-D-YT-S-KV	RE	HLE-N	SV-A-YVAI-YN-K			
GSM.CM.09.CM239	K-L-VQ-W-Q	LSI-QLNN	TIN-S	NTG	ITSYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
GSM.CM.09.CM71	K-L-VQ-W-Q	LSV-QFNNTAI	VDDQ.TNI		VTSKYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
LST.CD.88.SIVlhoest485	EGLATEMLMHT	E-M-F-L	RILQEWNNKNSDKW		YPWAN-H	SV-DD-AT-KI-T	FNNR	THR-V	EMWFELEKWP			
LST.CD.88.SIVlhoest524	V-LATEMLMHT	E-M-F-V	RI-QEWNNKNSDKW		YPWAN-H	SV-DD-AT-KI-T	FNNR	THR-V	EMWFELEKWP			
LST.KE.x.lho7	A-LATEMLMHT	E-M-F-V	RI-QEWNNKNSDKW		YPWAN-H	SV-DD-AT-KI-T	FNNR	THR-V	EMWFELEKWP			
MND.2.CM.98.M16	R-VEFW-Q	L-KWII		TDOTNLVA	R-VH-GI-A-I	RR	TKV-V	F-M-NEETGA				
MND.2.CM.98.M16	R-VEFW-Q	L-KWII		TDOTNLVA	R-VH-GI-A-I	RR	TKV-V	F-M-NEETGA				
MND.2.GA.x.M14	K-E-GAE-IMLL	-Y-F-W-KIWR	TWNSMVMW		YPYMS-N	R-DD-H-RKI-M	V-FMNE	NDV-EMFVEVQLKLTN				
MND.2.GA.x.M14	K-E-GAE-IMLL	-Y-F-W-KIWR	TWNSMVMW		YPYMS-N	R-DD-H-RKI-M	V-FMNE	NDV-EMFVEVQLKLTN				
MND.2.x.x.5440	K-E-GAE-IMLL	-Y-F-W-KIWK	AKOSSVW		YPYMS-N	R-DD-H-RKI-M	V-FMNE	NDV-EMFVEVQLKLTN				
MNE.US.x.MNE627	VTFMWT-R	L-KMNWFL	WVEDKNTG		TTQKPO-QHKRNVV	H-R-T-H-NV	RE	DLT-N	TV-S-IANI-IDWG			
MON.CM.99.N1.99CML1	Q-K-VQ-W-Q	LSI-QLNN	TIN-S	NTG	ITSYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
MUS.2.CM.01.CM1246	K-R-VQ-W-Q	LSV-QFNNTAI	VDDQ.TNI		VTSKYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
MUS.2.CM.01.CM1246	K-R-VQ-W-Q	LSV-QFNNTAI	VDDQ.TNI		VTSKYKQGM	A-K-RVTO-GY-S-I	RO	H-N-T	LDGAGYGH			
MUS.3.GA.09.09GAB0181	K-VQ-W-Q	LSA-QFNNTAI	VDDQ.TNI		NIDNVTSKYKENQWMT	K-FVTO-GFTS-SI	L-QP	H-O-T	LEGAMYRD			
OLC.CI.97.97C112	DAENMMMM	YMFW-T	KILKTNNA-DPKW		YPWQ-LR-NVDD	R-RR-LI	KR-FMNR	QRVTFLEPIO				
RCM.CM.00.SIVag1.00C312	D-TKYFWL	D-L-KLNWFL	YLNNKTEG		NEK-RROAFV	VT-MV-D-YT-SRVK	T-RPD	ALN-RATVY	ADI-Y-D			
RCM.CM.02.SIVrc.02CM8081	D-ARYFWL	N-L-KLNWFL	LLNNTDQ		NLN-RROAFV	IT-MV-D-YT-SRVK	T-RPD	ALK-RATVY	ADI-Y-D			
RCM.CM.00.SIVRCMAGB1	D-ARYFWL	N-L-KLNWFL	LLNNTDQ		NTN-KRKAPV	IT-MV-D-YT-SRVK	T-RPD	ALK-RATVY	ADI-Y-D			
SAB.SN.x.SAB1	W-SEFFF-Q	KMDWFL	YLNNK-VDDP	HNNC	AKNNTKPCVORTVY	H-R-VV-D-YTSL-KT	RE	HLE-N	TA-A-YVELNYSNK			

	gp120 end_gp41 start	fusion peptide	gp120 end_gp41 start	immundominant region	glycosylation NAS	glycosylation NKS	glycosylation NHT	glycosylation NYT	
H1B.FR.83.HXB2	TKAKRRVVO	REKRAV	.GIGALFLGFLGAAGSTMGAAASMTLVQARQLLSGIVQOQNLL	RAIEAQQHLLQTLWGIQKQARLTAVERLYKQDQLLGIWGSGLKLTAVPWNASWSNKS			LEQIWNHTTWMEDREINNYTSLHLSL	645	
H1A1.UG.85.U455 U455A	R	E	L	I	S	K	Q	D	646
H1E.TE.86.ETH2220	P	E	A	L	S	K	M	V	647
H1F1.BE.93.VI850	R	A	P	I	S	K	M	V	648
H1D.BE.87.ANT70	R	T	A	P	I	S	K	M	649
H10.CM.91.MVP5180	M	S	P	I	S	K	M	V	650
H10.CM.98.98CMA105	S	T	A	P	I	S	K	M	651
H10.CM.98.98CMA187	H	T	A	P	I	S	K	M	652
H10.CM.99.99S MP1299	I	A	P	I	S	K	M	V	653
H10.US.99.99C17WLA	I	S	P	I	S	K	M	V	654
H1N.CM.02.J08131	G	S	A	F	L	S	K	M	655
H1N.CM.04.04CM 1015_04	G	T	N	S	A	F	L	S	656
H1N.CM.04.04CM 1131_03	G	T	N	S	A	F	L	S	657
H1N.CM.95.YBF30	G	T	N	S	A	F	L	S	658
H1P.CM.06.U14788	G	T	N	S	A	F	L	S	659
CPZ.CM.06.R1167	G	T	N	S	A	F	L	S	660
CPZ.CM.90.ANT	G	T	N	S	A	F	L	S	661
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	G	T	N	S	A	F	L	S	662
CPZ.CM.05.LB715	G	T	N	S	A	F	L	S	663
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943	G	T	N	S	A	F	L	S	664
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	G	T	N	S	A	F	L	S	665
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	G	T	N	S	A	F	L	S	666
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	G	T	N	S	A	F	L	S	667
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897	G	T	N	S	A	F	L	S	668
CPZ.CM.05.SIVcpzGAB2	G	T	N	S	A	F	L	S	669
CPZ.TZ.09.CM169	G	T	N	S	A	F	L	S	670
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13	G	T	N	S	A	F	L	S	671
CPZ.TZ.09.UG38	G	T	N	S	A	F	L	S	672
CPZ.US.85.US Marilyn	G	T	N	S	A	F	L	S	673
GOR.CM.04.SIVgorCP684con	G	T	N	S	A	F	L	S	674
GOR.CM.07.SIVgor2139_287	G	T	N	S	A	F	L	S	675
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con	G	T	N	S	A	F	L	S	676
GOR.CM.12.SIVgor BP1D1	G	T	N	S	A	F	L	S	677
GOR.CM.12.SIVgor BP1D2	G	T	N	S	A	F	L	S	678
GOR.CM.13.SIVgor BP1D5	G	T	N	S	A	F	L	S	679
ASC.UG.10.RT63	G	T	N	S	A	F	L	S	680
ASC.UG.10.RT68	G	T	N	S	A	F	L	S	681
ASC.UG.10.RT83	G	T	N	S	A	F	L	S	682
COL.CM.x.CGU1	G	T	N	S	A	F	L	S	683
COL.UG.10.BWC01	G	T	N	S	A	F	L	S	684
COL.UG.10.BWC07	G	T	N	S	A	F	L	S	685
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061	G	T	N	S	A	F	L	S	686
DEB.CM.09.CM169	G	T	N	S	A	F	L	S	687
DEB.CM.09.CM5	G	T	N	S	A	F	L	S	688
DRL.DE.11.D3	G	T	N	S	A	F	L	S	689
DRL.DE.11.D4	G	T	N	S	A	F	L	S	690
GRV.ET.x.GRI 677_gri_1	G	T	N	S	A	F	L	S	691
GSM.CM.09.CM169	G	T	N	S	A	F	L	S	692
GSM.CM.09.CM71	G	T	N	S	A	F	L	S	693
LST.CD.88.SIVhoest485	G	T	N	S	A	F	L	S	694
LST.CD.88.SIVhoest524	G	T	N	S	A	F	L	S	695
LST.KE.x.lho7	G	T	N	S	A	F	L	S	696
MND.2.CM.x.MNDG1	G	T	N	S	A	F	L	S	697
MND.2.CM.x.M16	G	T	N	S	A	F	L	S	698
MND.2.GA.x.M14	G	T	N	S	A	F	L	S	699
MND.2.x.x.5440	G	T	N	S	A	F	L	S	700
MNE.US.x.MNE027	G	T	N	S	A	F	L	S	701
MON.CM.99.LI 99CML1	G	T	N	S	A	F	L	S	702
MUS.2.CM.x.C239	G	T	N	S	A	F	L	S	703
MUS.2.CM.01.CM1246	G	T	N	S	A	F	L	S	704
MUS.3.GA.09.09Gabo081	G	T	N	S	A	F	L	S	705
OLC.CI.97.97C12	G	T	N	S	A	F	L	S	706
RCM.CM.00.SIVag1_09C312	G	T	N	S	A	F	L	S	707
RCM.CM.02.SIVrcm_02CM8081	G	T	N	S	A	F	L	S	708
RCM.GA.x.SIVrcmGAB1	G	T	N	S	A	F	L	S	709
SAB.SN.x.SAB1	G	T	N	S	A	F	L	S	710
MAC.US.x.239	DV	YTTGG	TS	N	G	FVL	AT	A	711
H2A.DE.x.BEN	DQR	YSST	PV	N	G	FVL	AT	A	712
H2A.PT.x.ALI	SER	YSST	PR	N	G	FVL	AT	A	713
H2A.SN.86.ST J5P4_27	PV	YSSA	PV	N	G	FVL	TT	AA	714
H2B.CI.x.EHO	SI	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	715
H2B.GH.86.D205 ALT	DVR	YSSV	KP	N	G	FVL	AM	A	716
H2C.ZI.x.AB196	NV	YSSV	TPKN	N	G	FVL	I	AM	717
H2U.CI.07.07IC TMP3	SV	YSSA	TP	N	G	FVL	AT	A	718
H2U.FR.96.12034	PV	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	719
SHM.CI.79.SIVsmC12	NV	YSSAT	PA	N	G	FVL	AT	A	720
SHM.SL.92.SIVsmSL92A	NV	YTTTS	TS	N	G	FVL	AT	A	721
SHM.SL.92.SIVsmSL92B	DVR	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	722
SHM.US.06.F10	DVR	YTTT	GAS	N	G	FVL	AT	A	723
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	NV	YTTT	TTS	A	G	FVL	AT	A	724
SMM.US.86.CFU212	SV	YTTT	GAS	N	G	FVL	AT	A	725
SMM.US.x.H9	DEH	YAP	RK	APVAL	A	AL	TA	LV	726
SUN.GA.98.L14	SVK	YELP	TKO	APLAL	L	S	TA	S	727
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	DOR	YELP	NT	APLAL	L	S	TA	G	728
TAL.CM.00.266	NTR	YDGP	ANKQ	APLAL	I	ST	TA	VATA	729
TAL.CM.01.8023	NTR	YDGP	ATK	APLAL	I	ST	TA	VATA	730
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	EIR	Y	DE	VP	FVL	AA	TATA	SQ	731
VER.KE.x.AGM155	DVR	YTTG	PO	VP	FVL	TA	ATA	SQ	732
VER.ZA.10.VSAC4094	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	733
MAL.ZM.2009.SIVagmMAL_ZMB	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	734
VER.ZA.10.VSAG1003	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	735
VER.ZA.10.VSAM0822	DVR	YTTG	HH	VP	FVL	TA	ATA	SQ	736
WRC.CI.98.98C104	DGR	YTPK	HH	VP	FVL	I	LA	TV	737
WRC.CM.05.P0T_05GM_X02	DG	VTPD	HH	VP	FVL	I	LA	TV	738
MAC.US.x.239	DV	YTTGG	TS	N	G	FVL	AT	A	739
H2A.DE.x.BEN	DQR	YSST	PV	N	G	FVL	AT	A	740
H2A.PT.x.ALI	SER	YSST	PR	N	G	FVL	AT	A	741
H2A.SN.86.ST J5P4_27	PV	YSSA	PV	N	G	FVL	TT	AA	742
H2B.CI.x.EHO	SI	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	743
H2B.GH.86.D205 ALT	DVR	YSSV	KP	N	G	FVL	AM	A	744
H2C.ZI.x.AB196	NV	YSSV	TPKN	N	G	FVL	I	AM	745
H2U.CI.07.07IC TMP3	SV	YSSA	TP	N	G	FVL	AT	A	746
H2U.FR.96.12034	PV	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	747
SHM.CI.79.SIVsmC12	NV	YSSAT	PA	N	G	FVL	AT	A	748
SHM.SL.92.SIVsmSL92A	NV	YTTTS	TS	N	G	FVL	AT	A	749
SHM.SL.92.SIVsmSL92B	DVR	YSSV	TP	N	G	FVL	AT	A	750
SHM.US.06.F10	DVR	YTTT	GAS	N	G	FVL	AT	A	751
SMM.US.11.SIVsmE660_FL8	NV	YTTT	TTS	A	G	FVL	AT	A	752
SMM.US.86.CFU212	SV	YTTT	GAS	N	G	FVL	AT	A	753
SMM.US.x.H9	DEH	YAP	RK	APVAL	A	AL	TA	LV	754
SUN.GA.98.L14	SVK	YELP	TKO	APLAL	L	S	TA	S	755
SYK.KE.x.SYK173_COMGNM	DOR	YELP	NT	APLAL	L	S	TA	G	756
TAL.CM.00.266	NTR	YDGP	ANKQ	APLAL	I	ST	TA	VATA	757
TAL.CM.01.8023	NTR	YDGP	ATK	APLAL	I	ST	TA	VATA	758
TAN.UG.x.SIVagmTAN1	EIR	Y	DE	VP	FVL	AA	TATA	SQ	759
VER.KE.x.AGM155	DVR	YTTG	PO	VP	FVL	TA	ATA	SQ	760
VER.ZA.10.VSAC4094	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	761
MAL.ZM.2009.SIVagmMAL_ZMB	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	762
VER.ZA.10.VSAG1003	DVR	YTTG	HE	VP	FVL	TA	ATA	SQ	763
VER.ZA.10.VSAM0822	DVR	YTTG	HH	VP	FVL	TA	ATA	SQ	764
WRC.CI.98.98C104	DGR	YTPK	HH	VP	FVL	I	LA	TV	765
WRC.CM.05.P0T_05GM_X02	DG	VTPD	HH	VP	FVL	I	LA	TV	766

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455.U455A
H1C.ET.86.ETH2220
H1F1.BE.93.V1850
H10.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
H10.CM.98.98CMA105
H10.CM.98.98CMA8197
H10.SN.99.99S5.MP1299
H10.US.99.99U5.TWLA
H10.CM.02.DJ08131
H1N.CM.04.04CM.1015.04
H1N.CM.04.04CM.1131.03
H1N.CM.95.YBF30
H1P.CM.06.U14788
CPZ.CO.06.BF1167
CPZ.CO.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.LB715
CPZ.CM.05.SIVcpzDP943
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMB897
CPZ.GA.88.SIVcpzGAB2
CPZ.TZ.09.TAN1
CPZ.TZ.06.SIVcpzTAN13
CPZ.TZ.09.UG38
CPZ.US.85.US.Marilyn
GOR.CM.04.SIVgorCP684con
GOR.CM.07.SIVgor2139.287
GOR.CM.07.SIVgorCP2135con
GOR.CM.12.SIVgor.BPID1
GOR.CM.12.SIVgor.BPID2
GOR.CM.13.SIVgor.BPID15
ASC.UG.10.RT63
ASC.UG.10.RT68
ASC.UG.10.RT11
COL.CM.x.CGU1
COL.UG.10.BWC01
COL.UG.10.BWC07
DEB.CM.04.SIVdeb04CMPF3061
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
DRL.DE.11.D3
DRL.DE.11.D4
GRV.ET.x.GRI.677.gri.1
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM71
LST.CO.88.SIVlhoest485
LST.CO.88.SIVlhoest524
LST.KE.x.lho7
MND.1.GA.x.MNDBG1
MND.2.CM.98.CM16
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
MUN.CM.99.L1.99CML1
MUS.1.CM.01.CM239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.3.GA.09.09GAB0181
OLC.CI.97.97CI12
RCM.CM.00.SIVag1.00CM312
RCM.CM.02.SIVrcm.02CM0801
RCM.GA.x.SIVRCMGAB1
SAB.SN.x.SAB1

glycosylation NAT
.....WNLLQYSQELKNSAVSLLNATAIAVAEGTRVIEVV...QGACRAIRHIPRRIROGLER..ILL.*
.....-L-GR--I-IT-D-V-V--GWI-----IG--TIG--LN-----A-A-Q-
.....GS-V-GL-K-IN-T--V-G--F-LI--RTW-FCN-----A-A-Q-
.....G-TR--T--V--I-L--R-G-VLN-----A-A-
KIINVC.RIC.AAVT-L-Q-T-DTL-V-NW-GI-AGI--RTIG-N-----S-
KTIEAC.RLC.GAVM--L-Q-TN-DTI-VS-NW-GI-LGL--RIGOGFL-----V-V-
KITSAC.RIC.AAVT-L-Q-T-DTV-V--NW-GI-SGI--AIG-G-N-T-----S-
KIINAC.RIC.GAFT--L-Q-T-D-I-V--NW-SI-SGI--RIG-G-N-----F-A-
KITSAC.RIC.IAVI--L-Q-T-DTI-V--NW-VTI-LGI--RIG-G-LN-----S-
RITEAC.RLC.AAVT-L-Q-T-DTV-V--GSW-NI-SG--RTV-LN-----A-X-
.....GIIA-GK-D-I-TI-V-----G-L-LA--RIG-G-L-----T-V-
.....-GI-A-GK-D-I-T-----G-L-LA--RIG-G-L-----T-V-
.....-GX-A-GK-D-I-XTX-----X-LA--RIG-G-L-V-----T-V-
.....-GI-A-GK-RD-I-T--V-----I-LA--RIG-G-L-----A-I-
.....NCLRDC.FAACG-T--Q-T-V-S--NW-Q-A-G--QIG-GFLN-----L-S-
RRLIHLTF.LH-ET-GILIRQHCIVCIDTL-EFTGWW-G-AL-RV-VDI-----I-A-N-
.....N-STL--TIIRTEIKNIDRL--W-G-K-SILLAL--TIV-I-EV-----I-A-N-
.....RGII--GR-RT-T-D-----G--I-RA-----IVF-I-GN-----A-
.....KGV--GR-V-I-DT-----I-A--RFG-G-LN-T-----A-
.....GVIA--GR-QI-T-DT-----I-L--RIG-G-L-----S-
.....GIIA--GR--IN-DT-V-----I-L--RIG-G-L-----F-A-
.....QGI--GK-T-T-DT-----I-I--RIG-G-L-----F-A-
.....RGI--G-T-I-DT-----I-IA--RFG-G-LN-----A-
.....KSI--G-T-I-D-----I-IA--RVG-G-L-----A-
.....KGTG--L-RT-I-DT-----I-R-TI-A--TRIG-G-L-----A-E-
RRLIIVGVRII.IEKSNTYAS.LQAIA-R-L-NFTGWW-I-G-A-TRIG-G-L-----A-E-
LKWRLF.RDW-ANAYVIV-I-FIRN-DRL-NFT-WW-IL-GA-VNIF-G-N-T-----I-A-N-
.....WNLLTRDC.LH-ET-GILIRQHCIVCIDTL-EFTGWW-G-AL-RV-VDI-----I-A-N-
LKSROL...FDW-SNTYSI-RT-LIQAIDRL-NFTGWW-L-AG--AFVAOG-N-----I-A-N-
.....GVIA--AR-V-T-DT-----I-LT--RRLFLG-I-----S--X-
VNNLTRDC.FAFIA-G--Q-I--DCV-VWT-DW-Q-AIA--RIG-G-LN-----S-
VNNLTRDC.FAFIA-G--Q-I--DCV-VWT-NW-Q-AIA--RIG-G-LN-----S-
VNNLTRDC.FAFIA-G--Q-I--DCV-VWT-DW-Q-AIA--RIG-G-LN-----S-
.....GLNCRVDC.LAVCG-V-OR-TN-DT-V--W-Q-LIG--RIG-G-LN-----S-
TFEACKTL.KATA--L-L-OR-XTN-DTV-V--NW-SI-LG--RFG-G-LN-----L-S-
GINCLRDC.LAVCG-A-QQ-T--DTV-VR-DW-Q-L-G--RIG-G-LN-----L-S-
AEATRRR...VAYIH-GL-F-AAVI-AMD-L-F-TWNW-EA-LAYL--RRLAOG-IA-----A-I-L-N-
EQLRVL...VAYIH-GL-F-AAVI-AMD-L-F-TWNW-EA-LAYL--RRLAOG-IA-----A-I-L-N-
AEATRRR...IAYI-GL-F-AAVI-GWDLT-F-TWNW-EA-LVAL--RRLAOFETIA-----A-I-L-N-
POHPPTTSDK.RRS..A--T-RYL--LVPRGSLQIIL-TLQ-WLRSR--ARGW-RAPEYL-GWIYDRPO--GPA-
SORPETPNTR.RTVF...T-W-L-LVPRCPDLSIP-TLS-WLRSR--TRRW-RASEYL-GWLFDRPE--SPA-
GEOPLPDGET.HOPRRMPL-A-WRL--LVPRSANL-IPOTLQ-WLRSR--TS-G-RALESCG-WIR-DPO--GPA-
EQLRVL...GY--GWK-F-DTI-WAGGELGOTFORWALQ-L-GRG-E-LA--A--A-L-F-N-
ERFRVL...GYC--GWY-F-DTI-WAGGELGOWLOGIAEALQGL-VR-GG-RV-A--A-L-N-
EHLRVV...GYC--GWK-F-DTI-WAGGELGOWLOGIAEALQGL-VWGG-NLLA-A--A-L-L-N-
.....QEAGRGIC.TLREAAQRWLRGGROFGLSAARAL--R-LAQGVAN-----A-I-L-N-
.....QEAGRSIC.ALLQEAERLWRGGROGLSTARAL--RAFAQ-LAN-----A-V-L-N-
.....Y-GL-Q-OEA-TG-AQ-L-R-AR-AWG-LGAI--RS-Y-VINS--V--K-V-G-
EVAARV...IAYIS-GI--QAA-TGI-DSL-F-TWNW-EA-LHAC--RWV-EFLA-----A-I-LFN-
EVAARA...AAYIS-GI--QAAVSGI-DSL-VFTWVW-EPLVOT--GRVW-EFLA-----A-I-L-N-
LFFHQHQLWKAASSGMV.ENAQKI-RWSW-KIRNRNRDIIAASHARDIRLG-KKRWR-FRG-SGF--PSETTETAL-
LSYVHQHQLWQTSRFLV.ESAQKT-SWIR-KSRNRNG-LSKTNGTNIIRL-NRR-W--FRF-SGL--PSETTETAL-
LFFHQHQLWQTSRWMV.ENAQKIQSW-REKCRNRNGLSSDRKNIQLGKKRWR-L-FGG-SGL--SSEATETAL-
VQEA...IRS.LGS-LYSFAASRWR-FYTWGLQ-IAAA--GTC-W-L--SA-P-N-
.....KTAGGKIF-VLOGYAGLWSRGHOW-LSTAACFR--AIA-G-IN-----A-V-L-N-
.....KAAGARIQOVLOSFAORLWSGGHOL-LSVIRGAA--AIG--GN-----A-V-L-N-
.....KAAGAALYOVLOGFAORLWSRGYOL-LSG-RGAA--AFG-G-WN-----A-A-L-N-
.....LTY--GWSYFOEAVQVWRSATETL-GANGDLW-TL--GRVW-W-LA-----E-L-T-
.....RRL-LAYC-GI--QAAVT--D-L-RFTIYW--ALLHAG--GRWV-EA--A-I-F-N-
RRCSELLARL.LAYI--QAAATAA-DQL-F-TWNW-EPILOF--GRVW-EFLA-----A-I-LFN-
EALGRFIAH...A-GI-K-QAAVSGA-D-L-F-TWNW-EPILOFS--KIW-KFLA-----A-I-L-N-
ARLREVIRRI.IAY--GL--QEA-TGF-D-L-F-TWNW-EA-LQ-L--RWVA-EFLA-----A-I-LFN-
.....WT-QKSLQHWVRTLKQKRO...HGINLQOKK--RRGSPLOKAOEQLGREGAE.TTGV-
.....AKV-DGW-F-AF--W-GEMA-ENAYYTRGLQSLA--ROLAGWPATCG-----L-N-
.....AKI-DGW--EFSGW-AEMAQOAYVWRGLCVTA--DIA-WPTVTC-----F-L-N-
.....AKI-GW--F-EFSSWFAEMALONAYYTRGLCA-A--RDFAGWPAMVC-----L-CN-
QDIQQRTRQ...TAHLEYGWQELKAAASL-VAV-QAA-SASDS-RHACRSIV-VIAH--M-E--WFN-
.....Env end
gp41 end

MAC.US.x.239
H2A.DE.x.BEN
H2A.PT.x.ALI
H2A.SN.86.ST.JSP4_27
H2B.CI.x.EH0
H2B.GH.86.D205.ALT
H2C.CI.92.AB996
H2U.CI.07.07IC.TNP3
H2U.FR.96.12034
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.06.F10
SMM.US.11.SIVsmE660.FL8
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.H9
SUN.GA.98.14
SVK.KE.x.KE51
SVK.KE.x.SYK173.COMGNM
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.SIVagmTAN1
VER.KE.x.AGM155
VER.ZA.10.VSAC4004
MAL.ZM.2009.SIVagmMAL_ZMB
VER.ZA.10.VSAG1003
VER.ZA.10.VSAGM022
WRC.CI.98.98CI04
WRC.GM.05.Pbt_05GM_X02

LTY--GWSYFHEAVQVWRSATETL-GANGDLW-TL--RRGG-W-LA-----L-T-
AAQ--GCEWIOEAFQAFART-RETL-GANGDLW-AA--RRIG-G-LAV-----A-L-A-
AAY--GCEWIOEAFRAFARIARETLTNTWRDLWGA--WVG-R-LAV-----A-I-A-
TAY--GGEWIOEAFRAFAR--GETLTNAWRGFWGTL--GQIG-G-LAV-----A-I-A-
PAY-R-GISWFOEAIQAAAR-AGETL-SAARTSWG-L-RR-AGE-IA-----A-L-A-
PAY--GISWFOEALRAAAR--GETL-SAGETLW-AL--RRV-A-IA-----L-T-
AAYF--GFRW-QEACTLRKRE-GETLSTYKWLKML--RRVW-G-IA-----L-L-N-
QYGCQWF...QEA--AGWKAXRETLA-AWRDLWETLGRVGRGILAI-----F-L-A-
IAY--GW-YF-EAFQAFK-ARETLRTRGRELW-TL--GRVW-W-LA-----F-L-A-
IAY--GW-YFOEACQEAAR-ARETL-SAGRDLW-TL--GRIG-GLLAA-----L-AF-
VAYIR-GW-YFIE-LOEAL-AROTLVSTGRITQTL--GHIG-G-AA-----L-T-N-
G...YIR-GWYFIE-LOEAL-AROTLVSTGRITQTL--GRVW-G-IA-----L-L-N-
LTY--GWSWFOEA-QAAFK-ARETL-SAWRDLW-IL--RRVWGMLA-----L-T-
IAY--GWRYFOEAVQAWKFARETL-SAWRDLW-TL--GRVW-G-LA-----V-L-T-
LTYIG-GCLWF-EALQAGR-AGOTL-SAWRDLW-TL--GRVW-G-LN-----L-T-
LTY--GWRY-QEA-QXWKFRETL-SAWRDLW-TL--GRVW-G-LA--X-----L-T-
TSFHGQRLWQTLRGLG-HLQATSRRIRACRTEREYSSQKASRTFSL-RKRKPKWRT--GSRIPSETTETL-
.....FIS-GVT--EA-I--GREV-HQNVAIQAL-LAYA--PRVAENVAAL--L--I-Y-N-
.....FIS-GFN--IA-A--GREIRDW--AIWQAIYAAT--RRVVE-VAAL--L--I-Y-N-
TAAAAATLQY...GFS-IOAAWRDGTI-L-RFTWVW-NG-LAAA--RW-GE-AA--T--Y-CFT-
TAAV...ATI--GFS-IOAAWGDVCT-L-RFTWRW-SG-LAAA--RW-VQ-AA--T--Y-C-A-
TLLLQLLRQE.CQYI--GW-QF-EG-ARSE-F-L-S-ASASRTLWNAAC--RS-Y--LEH--M-E--WFN-
.....Y-GLG--AA-QEAV-HL-SFARNAAHWLAC--RS-Y--INS--V--E-V-N-
.....Y-H-GLR--OTA-QE-AQV-S-AONAAHOIWLAC--RSIY-TVINS--V-A-Q--N-
.....Y--FGF--AA-QEAAR-V-SFAONAAHOIWLAC--RS-Y--INS--V-EC--N-
.....Y--GLG--OTA-QEAARTV-RLAQNLAGHOIWLTC--RS-Y--VVDPS--V-EV--N-
.....GFE--AA-QEAAR-V-GVAQNAHQIWLII--RS-Y--INS--V-ET--N-
I...GAAHACIRKLIKSRKETEK-KSEIIRKIVL--SS-VNKL-T-LCSSLNKSRRR--N-
L.....CGAAYAAALQEKIAARRQKREK-IYTPGSRET...SRSSIRGITA-LCTNLNPCRGGQ--

856
856
852
853
860
873
868
874
879
871
840
833
853
853
885
859
865
913
849
846
846
878
842
857
847
871
871
865
837
859
855
850
890
888
893
887
887
882
838
843
835
847
862
851
900
884
855
882
887
915
917
913
879
867
868
891
883
870
892
883
893
844
855
851
868

880
861
863
860
853
860
860
882
868
887
886
887
882
888
888
886
890
841
833
873
891
880
871
878
877
869
873
885
877

